

PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
MESTRADO EM ECOLOGIA E PRODUÇÃO SUSTENTÁVEL

BRUNO FRAUZINO RIBEIRO CAMILO

**EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA
DIRETA-MATERNAL SOBRE PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO
ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS**

Goiânia
2014

Bruno Frauzino Ribeiro Camilo

**EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA
DIRETA-MATERNAL SOBRE PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO
ADITIVO DIRETO DO PESO A DESMAMA EM DADOS SIMULADOS**

Dissertação apresentada à Pontifícia
Universidade Católica de Goiás, para a
obtenção do título de Mestre junto ao
Programa de Pós-Graduação *Strictu Sensu*
em Ecologia e Produção Sustentável.

Orientador: Prof. Dr. Breno de Faria e Vasconcellos

Goiânia

2014

Dados Internacionais de Catalogação da Publicação (CIP)
(Sistema de Bibliotecas PUC Goiás)

Camilo, Bruno Frauzino Ribeiro.

C183e Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados [manuscrito] / Bruno Frauzino Ribeiro Camilo – 2014.
74 f. : il.; 30 cm.

Dissertação (mestrado) – Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Programa de Mestrado em Ecologia e Produção Sustentável, 2014.

“Orientador: Prof. Dr. Breno de Faria e Vasconcellos”.

1. Genética. 2. Variação (Biologia). 3. Hereditariedade. I. Título.


CDU 575.1(043)

BRUNO FRAUZINO RIBEIRO CAMILO

EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA NO MODELO DE AVALIAÇÃO
GENÉTICA DO PESO À DESMAMA DE BOVINOS DE CORTE

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO DEFENDIDA E APROVADA EM 15 DE DEZEMBRO DE 2014

BANCA EXAMINADORA


.....
Prof. Dr. Bruno de Faria e Vasconcellos / PUC Goiás
(presidente-orientador)


.....
Prof. Dr. Arcádio de los Reyes Borjas / UFG
(avaliador externo)


.....
Prof. Dr. Roberto Toledo de Magalhães / PUC Goiás
(avaliador interno)

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho para os que acreditam na ousadia e na capacidade de reconhecimento dos erros. Ousadia de sempre abusar do conhecimento, buscarem respostas a perguntas que insistem incomodá-los. Errarem e assumirem as falhas. São poucas as pessoas que possuem esta característica, porém nesta falha, há ensinamentos. Que a escolha do caminho a seguirem poderia ter sido outra e ainda assim terem a certeza de dois resultados a glória ou novamente a escolha equivocada, mas sempre julgando o conhecimento como resposta final. Para aqueles que confiam e vislumbram a educação e confiam que o conhecimento ultrapassa os limites. Aos esperançosos pesquisadores que ousam e sabem reconhecer os erros e sabem que nos erros existem conhecimento. Mesmo quando o objetivo esperado não for alcançado, da certeza do conhecimento gerado sempre ao fim de uma pesquisa.

AGRADECIMENTO

Agradeço a todos que estiveram presentes na realização deste trabalho, participando direta ou indiretamente com incentivos. Agradeço principalmente aos meus pais José Eduardo e Márcia, a minha tia Walquiria, a minha irmã Nayma, meus avós, e em geral a toda minha família, que foram fundamentais para conclusão de mais esta etapa alcançada.

Ao meu orientador Breno de Faria e Vasconcellos e ao meu coorientador Arcádio de los Reyes Borjas, incentivaram e ajudaram com sabedoria, paciência e empenho de resgatar o espírito de pesquisador que havia adormecido. A Maria, companheira das aulas, no qual participava como aluno “especial” ouvinte do Prof. Arcádio e Prof. Breno.

Aos professores do Mestrado, em geral, que contribuíram muito com o conhecimento no qual buscava, produzir alimentos pensando na sustentabilidade. Aos amigos que caminharam ao meu lado nesta busca do saber, mas também souberam aproveitar os bons momentos de confraternização com muita discussão produtiva nos bares da cidade de Goiânia (Alessandra, Ana Carolina, Maria Cecília, Marciliana, Rafael e o Igor).

Aos docentes e técnicos administrativos da Universidade Estadual de Goiás, em especial as professoras do Curso Superior de Tecnologia em Aquicultura: Jacqueline e Thaisa.

“Quando o “estudo da casa” (Ecologia) e a “administração da casa” (Economia) puderem fundir-se, e quando a Ética puder ser estendida para incluir o ambiente, além dos valores humanos, então poderemos realmente ser otimistas em relação ao futuro da humanidade”

Odum

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	10
LISTA DE TABELAS	12
RESUMO GERAL	14
ABSTRACT	15
CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS	16
1 INTRODUÇÃO	16
1.1 OBJETIVOS	18
1.1.1 OBJETIVOS GERAIS	18
1.1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	18
2 REVISÃO DE LITERATURA	19
2.1 SUSTENTABILIDADE NA PECUÁRIA E O MELHORAMENTO GENÉTICO	19
2.2 PESO À DESMAMA	21
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	24
CAPÍTULO 2. EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA DIRETA-MATERNAL SOBRE AS PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS COM CORRELAÇÃO IGUAL A -0,50.	31
RESUMO	31
ABSTRACT	32
1 INTRODUÇÃO	33
2 MATERIAL E MÉTODOS	35
3 RESULTADO E DISCUSSÃO	37
4 CONCLUSÃO	42
5 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
CAPÍTULO 3. EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA DIRETA-MATERNAL SOBRE AS PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS COM CORRELAÇÃO IGUAL A -0,25.	46
RESUMO	46
ABSTRACT	47
1 INTRODUÇÃO	48

2 MATERIAL E MÉTODOS	50
3 RESULTADO E DISCUSSÃO	52
4 CONCLUSÃO	57
5 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58
CAPÍTULO 4. EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA DIRETA-MATERNAL SOBRE AS PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS COM CORRELAÇÃO IGUAL A 0,25.	61
RESUMO	61
ABSTRACT	62
1 INTRODUÇÃO	63
2 MATERIAL E MÉTODOS	64
3 RESULTADO E DISCUSSÃO	66
4 CONCLUSÃO	70
5 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	71
CAPÍTULO 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	74

LISTA DE FIGURAS

Capítulo 2	Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados com correlação igual a de -0,50.	
Figura 1	Distribuição das diferenças entre postos dos indivíduos, assinalados em função do PVGA e PVGAC0, em relação aos postos segundo PVGA.	39
Figura 2	Distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (PVGA - 1, 3 e 5) e igual a zero (PVGAC0 - 2, 4 e 6), em função dos postos dos animais.	40
Capítulo 3	Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados com correlação igual a -0,25.	
Figura 1	Distribuição das diferenças entre postos dos indivíduos, assinalados em função do PVGA e PVGAC0, em relação aos postos segundo PVGA.	55
Figura 2	Distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (1, 3 e 5) e igual a zero (2, 4 e 6), em função dos postos dos animais determinados a partir do PVGA.	56
Capítulo 4	Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo	

direto do peso à desmama em dados simulados com correlação igual a 0,25.

- Figura 1. Distribuição das diferenças entre postos dos indivíduos, assinalados em função do PVGA e PVGAC0, em relação aos postos segundo PVGA. 68
- Figura 2 Distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (1, 3 e 5) e igual a zero (2, 4 e 6), em função dos postos dos animais determinados a partir do PVGA. 69

LISTA DE TABELAS

Capítulo 2	Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados com correlação igual a -0,50.	
Tabela 1	União dos arquivos contendo os animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0).	37
Tabela 2	Correlação de Spearman entre os postos dos animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0).	38
Tabela 3	Médias das acurácias da predição dos valores genéticos, obtidas incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal no modelo (PVGA), e obtidas considerando esta covariância igual a zero (PVGAC0), comparadas pelo teste t de Student.	41
Capítulo 3	Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados com correlação igual a -0,25.	
Tabela 1	União dos arquivos contendo os animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0).	52
Tabela 2	Correlação de Spearman entre os postos dos animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a	53

covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0).

Tabela 3	Médias das acurácias da predição dos valores genéticos, obtidas incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal no modelo (PVGA), e obtidas considerando esta covariância igual a zero (PVGAC0), comparadas pelo teste t de Student.	54
Capítulo 4	Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados com correlação igual a 0,25	
Tabela 1	Número de animais selecionados e correlação de Spearman entre os postos dos animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0).	66
Tabela 2	Médias das acurácias da predição dos valores genéticos, obtidas incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal no modelo (PVGA), e obtidas considerando esta covariância igual a zero (PVGAC0), comparadas pelo teste t de Student.	67

RESUMO GERAL

Objetivou-se estudar os efeitos, sobre a ordenação dos animais por seu valor genético, da inclusão da covariância genética aditiva direta maternal nos modelos de predição dos valores genéticos de peso a desmama de bovinos de corte utilizando dados simulados. Os dados foram simulados considerando-se três valores diferentes de correlação genética aditiva direta maternal (-0,25, -0,50 e +0,25) e três razões de variância aditiva direta e aditiva maternal (1:1, 1:2 e 2:1), perfazendo um total de nove cenários. Em cada cenário, os valores genéticos foram preditos incluindo-se ou não a covariância no modelo. Os valores da correlação de Spearman entre os postos dos animais, considerando o valor genético predito, nos cenários de correlação genética aditiva direta maternal -0,50 nas razões de variâncias 1:1 e 2:1 foram iguais a 0,84 e 0,85, respectivamente; no cenário de correlação -0,25 nas razões de variâncias 1:1, 1:2, e 2:1 foram iguais a 0,96, 0,95 e 0,97 respectivamente e no cenário de correlação positiva +0,25 nas razões de variâncias 1:1, 1:2 e 2:1 com valores de 0,92, 0,91 e 0,96 respectivamente. Os valores foram altos e significativos, o que sugere maior concordância entre as ordens de mérito dos animais. O valor médio para a correlação de Spearman estimados no cenário -0,50 1:2 foi igual a 0,46 indicando menor proximidade entre as ordens de mérito dos indivíduos neste cenário. Os resultados indicam incluir a covariância nos modelos de predição para que as classificações dos animais estejam mais próximas do real.

Palavras chave: avaliação genética; efeito maternal; posto.

ABSTRACT

The objective was to study the effects on the ordering of the animals by their genetic value of the inclusion of direct maternal additive genetic covariance models of prediction of breeding values for weaning weight in beef cattle using simulated data. The data were simulated considering three different values of maternal direct additive genetic correlation (-0.25, -0.50 and +0.25) and three reasons direct additive variance and maternal additive (1: 1, 1: 2 and 2: 1), making a total of nine scenarios. In each scenario, the breeding values were predicted including whether or not the covariance in the model. The values of the Spearman correlation between animal clinics, considering the predicted genetic value, the scenarios of direct maternal additive genetic correlation -0.50 in the ratios of variances 1: 1 and 2: 1 were equal to 0.84 and 0, 85, respectively; -0.25 scenario the correlation variance in the ratios 1: 1, 1: 2 and 2: 1 were 0.96, 0.95 and 0.97 respectively, and the positive correlation scenario in +0.25 Variance ratios 1: 1, 1: 2 and 2: 1 with values of 0.92, 0.91 and 0.96 respectively. The values were high and significant, suggesting greater consistency between the animal merit orders. The average value for the Spearman correlation estimated in scenario -0.50 1: 2 was equal to 0.46 indicating lesser proximity between merit orders of individuals in this scenario. The results indicate include the covariance in prediction models for the classification of animals are closer to real.

Keywords: genetic evaluation; maternal effect; ranking.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1 INTRODUÇÃO

O crescimento da população mundial pressionou o aumento na demanda por alimentos, resultando no crescimento da oferta de alimentos por aumento da produtividade ou pela abertura de novas áreas de exploração agropecuárias, o que provocou impactos ambientais pelas velhas práticas utilizadas, que desconsideram ações sustentáveis (Pedreira e Primavesi, 2011).

Dentre as atividades agropecuárias, a pecuária brasileira é de fundamental importância para a economia do país, com forte participação da pecuária de corte (Calegari, 2011).

Confirmando esta importância e o crescimento da agropecuária, Palhares (2012) projetou uma estimativa no período de 2009/2010 a 2019/2020 que o setor de carnes terá crescimento na ordem de 3,64%/ano para as carnes de frango, 2,15%/ano para os bovinos e 2,0%/ano da carne suína.

O Brasil se destaca no cenário mundial como um dos maiores produtores de proteína animal, ocupando o segundo lugar em volume produzido, com 9,21 milhões de toneladas e possuindo uma população de 193,4 milhões de animais. A produtividade do rebanho, porém, ainda é baixa, tendo uma taxa de desfrute de apenas 22%, inferior àquela dos estados Unidos que é de 37% (Almeida, 2013; ANUALPEC, 2013).

Os bovinos convertem carboidratos e proteínas vegetais em proteína animal. Dependendo do animal e do sistema de manejo aplicado, a eficiência de conversão alimentar pode ser de 5 a 45%. O restante são dejetos e gases, principalmente o metano (CH₄), que contribuem com parte das emissões de gases de efeito estufa. Por possuir o maior rebanho comercial, o Brasil é um dos países com maior potencial para mitigar as emissões do metano proveniente da pecuária (Mendu et al., 2012; Cerri e Carvalho, 2012).

A agropecuária enfrenta outra preocupação ambiental, relativa à água potável no mundo, pois, dependendo do manejo dos solos, esta atividade pode modificar a quantidade de água pela alteração da permeabilidade do solo de forma indireta e pela irrigação como forma direta (Chiaravalloti e Pádua, 2011).

O agronegócio brasileiro terá o desafio de evoluir de sistemas de produção baseados em agrossistemas para outro baseado em agroecossistemas de produção. A primeira estrutura de produção é a convencional, que não leva em conta os serviços ecossistêmicos, causando a degradação e afetando a agropecuária e a segunda, integra o manejo do solo, da água, culturas e vegetação nativa, objetivando a preservação e a melhoria dos serviços ecossistêmicos (Romeiro, 2009).

De acordo com Vasconcellos (2008), a produção sustentável de alimentos traduz-se por rebanhos mais eficientes produtivamente, pelo menor requerimento das alterações ambientais.

Em bovinos de corte o melhoramento genético tem trabalhado com intuito de maximizar o desenvolvimento dos animais, buscando o crescimento rápido dos bovinos, sendo que aqueles animais que possuem maior capacidade de crescimento precisarão de menor tempo para atingir peso e idade ao abate (Sarmiento, 2003).

O crescimento pré desmama é uma etapa de grande importância no desenvolvimento de bovinos, por isto há vários estudos para avaliar os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos que influenciam esta característica. A característica de crescimento neste período recebe grande influência dos efeitos maternos, o que aumenta o interesse de programas de melhoramento animal em estimar corretamente as (co)variâncias para predizer os valores genéticos, buscando maximizar o progresso genético na população (Ferreira, 2009).

O presente trabalho teve por objetivo avaliar a inclusão ou não da covariância genética aditiva direta-maternal nos modelos de predição dos valores genéticos em dados simulados do peso à desmama em bovinos de corte e na classificação pelo mérito do valor genético predito dos animais avaliados.

1.1 Objetivos

1.1.1 Objetivos gerais

- Avaliar o efeito, sobre a ordem de mérito genético dos animais, da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal, nos modelos de predição dos valores genéticos em dados simulados do peso à desmama em bovinos de corte, considerando diferentes valores de correlação e razões de variâncias aditivas direta e maternal.

1.1.2 Objetivos específicos

- Avaliar o efeito sobre a ordem de mérito genético dos animais, da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal nos modelos de predição dos valores genéticos em dados simulados do peso à desmama em bovinos de corte, considerando o valor de correlação aditiva direto-maternal igual a -0,50 e razões de variâncias direta-maternal iguais a 75:75, 50:100 e 100:50.
- Avaliar o efeito sobre a ordem de mérito dos animais, da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal nos modelos de predição dos valores genéticos em dados simulados do peso à desmama em bovinos de corte, considerando o valor de correlação aditiva direto-maternal igual a -0,25 e razões de variâncias direta-maternal iguais a 75:75, 50:100 e 100:50.
- Avaliar o efeito sobre a ordem de mérito dos animais, da inclusão da covariância genética aditiva direta-maternal nos modelos de predição dos valores genéticos em dados simulados do peso à desmama em bovinos de corte, considerando o valor de correlação aditiva direto-maternal igual a +0,25 e razões de variâncias direta-maternal iguais a 75:75, 50:100 e 100:50

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 SUSTENTABILIDADE NA PECUÁRIA E O MELHORAMENTO GENÉTICO

Entende-se por produção sustentável aquela que leva em consideração os recursos naturais e sua finitude, garantindo o desenvolvimento da presente geração para com “as necessidades do presente, sem comprometer a capacidade das novas gerações atenderem às suas próprias necessidades” (CMMAD, 1991)

A agricultura e a pecuária contribuem para as emissões de metano (CH₄), dióxido de carbono (CO₂) e óxido nitroso (N₂O) na atmosfera, que são gases de efeito estufa. A matéria seca vegetal quando decomposta em condições de aerobiose (presença de oxigênio), libera energia, gás carbônico, minerais e água. Em baixas concentrações de oxigênio, como solos encharcados ou compactados, pântanos, aterros sanitários, acúmulo de dejetos, sistema digestivo de ruminantes, entre outros, essa decomposição vegetal libera metano, gás 25 vezes mais calorífico do que o gás carbônico (Primavesi, 2007).

A produção pecuária pode gerar menor entropia se ocorrer em ambientes que, por exemplo, supram as necessidades dos animais, resultando em bem-estar e conforto, permitindo a coexistência com uma grande diversidade de organismos nativos, que aumentem o sequestro de carbono e que permitam integrar maior produção de diferentes alimentos em áreas antes somente utilizadas com a monocultura (Broom et al., 2013).

Existem sistemas de produção que seguem critérios ecológicos, incluindo biodiversidade integrada, reciclagem e uso de energias alternativas (Melado, 2007).

Encontram-se em uso técnicas que utilizam práticas sustentáveis, sendo apontados como promotores de baixa entropia em relação aos convencionais, tais como: integração Lavoura Pecuária Floresta (iLPF), sistema de plantio direto, recuperação de áreas e pastagens degradadas, florestas plantadas, fixação biológica de nitrogênio e tratamento de dejetos animais (CNA, 2012; Moreli, 2013).

A presença de árvores plantadas não impede outros cultivos, criando uma maior diversidade e ciclagem de nutrientes, com maior filtragem da água e conservação da água no ambiente. A integração com árvores possibilita o uso de leguminosas que aumentam a fixação biológica de nitrogênio natural, o que leva a uma maior concentração de proteína nas forrageiras (Moreli, 2013).

A agricultura e a zootecnia de precisão permitem a redução de insumos e a introdução de tecnologias que aumentem a produção vegetal e animal. Um solo bem manejado e com alto teor de matéria orgânica pode nos beneficiar com serviços ecossistêmicos: maior armazenamento de água, condições favoráveis ao enraizamento das plantas, mobilidade de nutrientes, resistência à erosão e ação e estabelecimento da microfauna. Esta última permite a redução de fertilizantes, principalmente os nitrogenados, pois os microrganismos capturam o excesso de nitrogênio, evitando que o mesmo seja lixiviado para cursos de água (Romeiro, 2009).

Estratégias podem ser utilizadas para melhorar a eficiência e produtividade da pecuária como, por exemplo, uso de confinamento para terminação, o semi-confinamento e a suplementação no período seco reduzindo o ciclo de produção e o uso mais sustentável da terra e dos recursos naturais, possibilitando maior ciclagem de nutrientes (Tomkins et al., 2011; Bernués et al., 2011; Berchielli et al., 2012).

A pecuária enfrenta a necessidade de melhorar os índices produtivos e intensificar a produção, com a redução das emissões por unidade produzida, melhorando o manejo e o aproveitamento dos resíduos ou subprodutos (Tomkins et al., 2011; Cerri e Carvalho, 2012).

Nesta busca sustentável em transformar nutrientes da dieta em carne ou leite, torna-se necessário o alinhamento das pesquisas com criadores e centros de biotecnologias para que promovam os programas de melhoramento genético, tornando-os acessíveis aos produtores e possibilitando a multiplicação de animais eficientes. Estas medidas podem elevar os índices zootécnicos, resultando na redução das desordens causadas pelos métodos convencionais de criação de animais (Lopes et al., 2012; Moreli, 2013).

Os programas de melhoramento genético de bovinos têm trabalhado com intuito de aumentar a produtividade em menor espaço de tempo e área. Neste contexto o crescimento dos bovinos torna-se importante para que se atinja maior produtividade (Everling et al., 2001; Sarmiento et al., 2003; Valente et al., 2008).

2.2 PESO À DESMAMA

Devido a necessidade da produção animal se adequar às práticas sustentáveis, algumas características tornam-se primordiais nos programas de melhoramento genético que selecionam animais precoces. O peso à desmama é uma característica muito importante, uma vez que, dependendo da idade ao abate destes animais, boa parte do peso final é atingido até a desmama. O crescimento dos animais do nascimento à desmama não sofre influência somente dos genes herdados dos seus pais, como também do ambiente materno, o que envolveria a produção leiteira e habilidade maternal (Willham, 1963; Willham, 1980; Schaeffer, 1993; Paz et al., 1999; Everling et al., 2001; Ferraz Filho et al., 2002; Albuquerque e Meyer, 2005; Bijma, 2006; Heydarpour, 2008; Valente et al., 2008; Boligon et al., 2009).

A alta produtividade animal será alcançada com a correta identificação e multiplicação dos melhores genótipos, com a separação dos fatores genéticos e ambientais que interferem no fator crescimento dos indivíduos (Everling et al., 2001; Sarmiento et al., 2003; Valente et al., 2008).

O crescimento dos animais sofre influência do efeito genético aditivo direto, que é intrínseco do animal, potencial herdado dos seus parentais através de seus genes, bem como de interferências ambientais e do efeito maternal. Os pais contribuem com genes para seus descendentes, mas a influência materna frequentemente se estende para além da simples transmissão genética (Willham, 1963; Willham, 1980; Pereira, 2001; Lôbo et al 2014).

O efeito maternal é todo o ambiente proporcionado pela mãe, seja na fase pré ou pós natal, para garantir bom desempenho de suas crias. Este efeito é determinado por genes relacionados à habilidade materna. As diferenças genéticas entre mães, em relação ao efeito maternal, são expressas na progênie (Everling et al., 2001; Guterres et al., 2007; Ribeiro et al., 2009; Ferreira, 2009).

As causas do efeito maternal necessárias para o crescimento do bezerro podem ainda ser influenciadas pela herança citoplasmática do óvulo, pelo ambiente intrauterino, pelo ambiente pós-natal, pela capacidade de produção de leite e pela habilidade maternal, contribuindo para a variação desta característica (Robison, 1972; Pelicioni e Queiroz, 2001; Everling et al., 2001; Ferreira, 2009).

A idade da vaca exerce forte influência sobre o peso dos bezerros, pois a capacidade de produção de leite da fêmea aumenta com sua idade, que é

acompanhada com o aumento do peso de suas crias. Quando a fêmea chega a sua maturidade fisiológica ocorre a redução na produção de leite e conseqüentemente também uma redução do peso dos bezerros (Paz et al., 1999).

A correlação entre os efeitos genéticos aditivos diretos maternos, ao ser estimada, pode sofrer alterações em função de diferentes fatores, tais como: a estrutura dos dados do número de fêmeas com registro de produção, a interação touro ano de nascimento e a interação touro e rebanho. O valor desta correlação pode variar de negativo a positivo (Waldron et al., 1993; Lee e Pollak, 1997; Eler et al., 2000; Maniatis e Pollott, 2003; Fridrich et al., 2005).

Segundo Ribeiro (2009), a literatura relata grande variação das estimativas de covariância genética aditiva direto-maternal nos pesos tomados às várias idades.

A existência de correlação genética negativa entre os efeitos genéticos diretos e maternos caracteriza o antagonismo entre os efeitos dos genes para potencial de crescimento e dos genes para a habilidade materna (Fernandes e Ferreira, 2000; Maniatis e Pollott, 2003; Splan et al., 2002; Pelicioni et al., 2003; Knackfuss et al., 2006; Castro-Pereira et al., 2007; Ribeiro et al., 2009; Gonçalves et al., 2011; Wasike et al., 2009; Souza et al., 2011; Santos et al., 2012).

Diante da falta de consenso de se incluir ou não a covariância, tem sido proposta considerá-la como igual a zero (Schaeffer, 1993; Mercadante e Lôbo, 1997). Alguns autores sugerem que os modelos que consideram a covariância diferente de zero são os mais indicados no processo de avaliação genética (Ferreira et al., 2011; Júnior et al., 2013).

Quando os efeitos maternos são ignorados nas análises, há superestimativa da herdabilidade direta, o que pode conduzir a conclusões errôneas no valor genético predito dos animais e no seu ordenamento, uma vez que toda a variância encontrada, excetuando-se a residual, terá origem atribuída ao efeito genético aditivo direto (Fernandes e Ferreira, 2000; Ferreira et al., 2011).

Fernandes e Ferreira (2000) em seus estudos sobre modelos estatísticos para a característica ganho de peso na pré-desmama, afirmaram a necessidade da inclusão do efeito materno, nos modelos que estimam o valor genético.

Guterres et al. (2006) ao estimar parâmetros genéticos para a característica ganho de peso médio diário do nascimento à desmama para a raça Angus, afirmam que a covariância entre efeitos genéticos direto e materno devem ser incluídas no modelo de análise com o objetivo de aumentar a acurácia das estimativas. Entretanto,

estes autores afirmam que, para o ganho de peso da desmama ao sobreano esta inclusão não seria necessária.

A inclusão da covariância também é defendida por outros autores que afirmam que quando esta covariância é incluída nos modelos, resulta em melhor predição dos valores genéticos dos animais estudados (Abbasi et al., 2012; Guterres et al., 2007) do que quando esta é considerada igual a zero (Schaeffer, 1993; Mercadante e Lôbo, 1997).

Ribeiro et al. (2009), afirmam não haver necessidade da inclusão da covariância genética aditiva direto-materna em análises de avaliações genéticas das características de crescimento, na raça Tabapuã, pois a inclusão desta covariância não alterou a predição dos valores genéticos e a classificação dos melhores animais.

Os dados de campo sofrem muita influência do meio o que dificulta conhecer os parâmetros reais da população. Utilizar ferramentas que permitem simular cenários com dados que se aproximam dos dados reais, pode-se estimar parâmetros com maior exatidão (Fontoura-Júnior, 2007).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abbasi MA, Abdollahi-Arpanahi R, Maghsoudi A Vaez TR, Nejati-Javaremi A (2012). Evaluation of models for estimation of genetic parameters and maternal effects for early growth traits of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 104: 62-69.

Albuquerque LG and Meyer k (2005). Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric correlation function to model within-animal correlations. *Livestock Production Science*, v.93, p.213-222.

Almeida RG (2013). Inseminação artificial em tempo fixo em vacas multíparas com sêmen heterospérmico. Dissertação de Mestrado UFMS, Campo Grande

ANUALPEC (Anuário da Pecuária Brasileira) (2013). Informa economics. 20 ed. São Paulo: FNP.

Berchielli TT, Canesin RC, Caravinho IP, Hauschild L (2013). Emissão de metano entérico em sistemas de produção de bovinos. In: Anais do XXIII Congresso Brasileiro de Zootecnia. Foz do Iguaçu.

Bernués A, Ruiz R, Olaizola A, Villalba D, Casasús I (2011). Sustainability of pasture-based livestock farming systems in the European Mediterranean context: Synergies and trade-offs. *Livestock Science*. 139:44-57

Bijma P (2006). Estimating maternal genetic effects in livestock. *J. Anim. Sci.* 84:800-806.

Boligon, AA, Albuquerque IG, Mercadante MEZ, Lôbo RB (2009). Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Rev. bras. zootec.*, v.38, n.12, p.2320-2326.

Broom DM, Galindo FA, Murgueitio E (2013). Sustainable, efficient livestock production with high biodiversity and good welfare for animals. *Proc. R. Soc. B.* 280:20132025.

Calegari RS (2011). Influência do sêmen homospérmico, heterospérmico e do plasma seminal heterólogo sobre os parâmetros espermáticos e produção de embriões

bovinos *in vitro*. Tese de Doutorado. Faculdade de Medicina de Botucatu, UNESP, Botucatu.

Castro-Pereira VM, Alencar MM, Barbosa PF (2007). Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para característica de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. *R. Bras. Zootec.*, v.36, n.4, p.1037-1044, 2007.

Cerri CC e Carvalho JLN (2012). Emissões de GEE na pecuária de corte e estratégias de mitigação. In: Anais do II ANISUS – Congresso brasileiro de produção animal sustentável, Chapecó, Santa Catarina.

Chiaravalloti RM e Pádua CV (2011). Escolhas sustentáveis: discutindo biodiversidade, uso da terra, água e aquecimento global. São Paulo: Urbana.

CNA (Confederação da Agricultura e Pecuária do Brasil) (2012). Guia de financiamento para agricultura de baixo carbono. Brasília, DF: CNA.

CMMAD - Comissão Mundial sobre Meio Ambiente e Desenvolvimento (1991). Nosso futuro comum. 2. ed. Rio de Janeiro: Editora da FGV.

Eler JP, Ferraz JBS, Golden BL, Pereira E (2000). Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. *Ver. Bras. Zootec.*, v.29, n.6, p.1642-1648.

Everling DM, Ferreira GBB, Rorato PRN, Roso VM, Marion AE, Fernandes HD (2001). Estimativas de herdabilidade e correlação genética para a característica de crescimento na fase pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus-Nelore. *Rev. bras. zootec.*, v.30, n.6S, p.2002-2008.

Fernandes HD e Ferreira GB (2000). Estudo comparativo de sete diferentes modelos estatísticos para a características ganho de peso em bovinos de corte. *Rev. bras. zootec.*, v.29 n.5, p.1340-1348.

Ferraz filho, PB, Ramos AA, Silva IOC, Souza JC, Alencar MM (2002). Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. *Archives of Veterinary Science.* v.7, n.1, p.65-69.

Ferreira JL, Reyes A, Carvalheiro R, Lôbo RB (2011). Efeitos da inclusão ou não da covariância genética direta-maternal no modelo e dos valores reais das (co)variâncias sobre suas estimativas para peso à desmama em bovinos de corte. *Ci. Animal. Bras.*, v.12, n.3, p.435-442, jul./set.

Ferreira JL (2009). Efeito da estrutura dos dados sobre as estimativas de (co)variâncias de peso à desmama em bovinos de corte usando dados simulados. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

Fontoura-Júnior JAS, Menezes LM, Côrrea MN, Dionello NJL (2007). Utilização de modelos de simulação em sistemas de produção de bovinos de corte. *Vet. e Zootec.* v.14, n.1, jun., p.19-30.

Fridrich AB, Silva MA, Fridrich D, Corrêa GSS, Silva LOC, Sakaguti ES, Ferreira IC, Valente BD (2005). Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, n.5, p.663-672.

Gonçalves FM, Pires AV, Pereira IG, Garcia DA, Farah MM, Meira CT, Cruz VAR (2011). Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.63, n.1, p.158-164.

Guterres LFW, Rorato PRN, Boligon AA, Weber T, Kippert CJ, Lopes JS, Souza PRS (2007). Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.3, p.809-814, mai-jun.

Guterres LFW, Rorato PRN, Boligon AA, Weber T, Kippert CJ, Lopes JS, Souza PRS (2006). Inclusão da covariância genética direta-materna no modelo para estimar parâmetros e prever valores genéticos para ganho de peso em bovinos da raça Angus. *Rev. bras. zootec.*, v.35, n.6, p.2268-2274.

Heydarpour M, Schaeffer LR, Yazdi H (2008). Influence of population structure on estimates of direct and maternal parameters. *J. Anim. Breed. Genet.* 125:89-99.

Júnior CTM, Alves AAC, Porcúnculo JÁ, Sousa DR, Lobo RNB, Shiotsuki L (2013). Efeito da inclusão da covariância direta-materna no modelo para estimar parâmetros genéticos para peso ao nascimento em ovinos da raça Morada Nova. In: Anais do VIII CNPA – Congresso Nordestino de Produção Animal, 2013. Fortaleza.

Knackfuss FB, Razook AG, Mercadante MEZ, Cyrillo JNSG, Figueiredo LA, Tonhati H (2006). Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir.2. Estimativas de variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características de crescimento. *R. Bras. Zootec.*, v.35, n.3, p.726-732.

Lee C e Pollak EJ (1997). Relationship between sire x year interactives and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. *J. Anim. Sci.* v.75, p.68-75.

Lôbo RB, Bezerra LAF, Figueiredo LGG, Leite JF, Faria CU, Vozzi PA, Magnabosco CU, Bergmann JAG, Oliveira HN (2014). Sumário de touros das raças Nelore, Guzerá, Brahman e Tabapuã: Edição Agosto de 2014. Ribeirão Preto, ANCP.

Lopes BC (2012). Genética bovina brasileira: mercado internacional e mapeamento das competências e tecnologias mineiras. Uberaba, MG: Edição de Beatriz Cordenonsi Lopes.

Maniatis N e Pollott GE (2003). The impact of data structure an genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *J. Anim. Sci.*, 81: 101-108.

Melado J (2007). Pastagem ecológica e serviços ambientais da pecuária sustentável. *Revista Brasileira de Agroecologia*, São Paulo, v. 2, n. 2, out.

Mendu V, Shearin T, Campbell JE, Stork J, Jungho J, Crocker M, Huber G, DeBolt S (2012). Global bioenergy potential from high-lignin agricultural residue. *PNAS*, v.109 n. 10: 4014-4019.

Mercadante MEZ e Lôbo RB (1997). Estimativas de (co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. *R. Bras. Zootec.*, v.23, n.6, p.1124-1133.

Moreli G (2013). Sistema sustentado de produção animal integração lavoura, pecuária e floresta. In: Anais do XXIII Congresso Brasileiro de Zootecnia. Foz do Iguaçu, Paraná.

Palhares JCP (2012). Impacto Ambiental das produções pecuárias. In: Anais do II ANISUS – Congresso brasileiro de produção animal sustentável. Chapecó, Santa Catarina.

Paz CCP, Albuquerque LG, Fries LA (1999). Efeitos ambientais sobre o ganho de peso no período do nascimento ao desmame em bovinos da raça Nelore. *Rev. bras. zootec.*, v.28, n.1, p.55-64.

Pedreira MS e Primavesi O (2011). Aspectos ambientais na bovinocultura. In: Berchielli TT, Pires AV, Oliveira SG (2011). *Nutrição de Ruminantes*. 2. Ed. Jaboticabal: Funep.

Pelicioni LC e Queiroz AS (2001). Efeito da linhagem citoplasmática sobre a produção de leite em bovinos da raça Caracu. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, n.1, p.109-114.

Pelicioni LC, Queiroz AS, Albuquerque LG (2003). Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzerá. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 11(1): 34-39.

Pereira JCC (2001). *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. 3. Ed. – Belo Horizonte: FEPMVZ Editora.

Primavesi O (2007). A pecuária de corte brasileira e o aquecimento global. *Embrapa Pecuária Sudeste*, São Carlos-SP, Ano 1, n. 1, nov.

Ribeiro SHA, Pereira JCC, Verneque RS, Silva MA, Bergmann JAG (2009). Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em

avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.61, n.2, p.401-406.

Robison OW (1972). The role of maternal effects in animal breeding: V. maternal effects in swine. *J. Anim. Sci.*, v.35, p.1303-1315.

Romeiro AR (2009). Desafios do agronegócio brasileiro frente à questão ambiental. In: *Anais do XIX Congresso Brasileiro de Zootecnia*. São Paulo: 395 – 402.

Santos GCJ, Lopes FB, Marques EG, Silva MC, Cavalcante TV, Ferreira JL (2012). Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, Maringá, v.34, n.1, p.97-101, jan-mar.

Sarmiento JLR, Pimenta Filho EC, Ribeiro MN, Martins Filho R (2003). Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso diário de bovinos Nelore no Estado da Paraíba. *Rev. bras. zootec.*, v.32, n.2, p.325-330.

Schaeffer LR (1993). Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livest. Proc. Sci.* V.35, p.1321-1340.

Souza JC, Silva LOC, Gondo A, Freitas JA, Malhado CHM, Ferrar Filho PB, Sereno JRB, Weaber RL, Lamberson WR (2011). Parâmetros e tendências genéticas do peso de bovinos criados á pasto no Brasil. *Arch. Zootec.*, v.60, n.231, p.457-465.

Splan RK, Cundiff LV, Dikeman ME, Van Vleck LD (2002). Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetic effects for carcass traits in crossbred cattle. *J. Anim. Sci.*, 80: 3107-3111.

Tomkins NW, Meginnb SM, Turnerc DA, Charmleya E (2011). Comparison of open-circuit respiration chambers with a micrometeorological method for determining methane emissions from beef cattle grazing a tropical pasture. *Animal Feed Science and Technology* 166 – 167: 240-247.

Valente BD, Silva MA, Silva LOC, Bergmann JAG, Pereira JCC, Fridrich AB, Ferreira IC, Corrêa GSS (2008). Estruturas de covariâncias de peso em função da idade de animais Nelore das regiões sudeste e centro-oeste do Brasil. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.60, n.2, p.389-400.

Vasconcellos BF (2008). Genética e sustentabilidade. In: Rocha C, Tejerina-Garro FL, Pietrafesa JP. Cerrado, sociedade e ambiente: desenvolvimento sustentável em Goiás. Goiânia: Ed. Da UCG.

Waldron DF, Morris CA, Baker RL, Johnson DL (1993). Maternal effects for growth traits in beef cattle. *Livest. Prod. Sci.*, v.34, p.57-70.

Wasike CB, Indetie D, Ojango JMK, Kahi AK (2009). Direct and maternal (co)variance components and genetic parameters for growth and reproductive traits in the Boran cattle in Kenya. *Trop. Anim. Health Prod.* 41:741-748.

Willham RL (1963). The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. *Biometrics*, v.19, n.1, p. 18-27.

Willham RL (1980). Problems in estimating maternal effects. *Liv. Prod. Sci.*, v.7, p.405-418.

CAPÍTULO 2. EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA DIRETA-MATERNAL SOBRE AS PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS COM CORRELAÇÃO IGUAL A -0,50

RESUMO

Objetivou-se estudar os efeitos, sobre a ordenação dos animais por seu valor genético, da inclusão da covariância genética aditiva direta maternal nos modelos de predição dos valores genéticos de peso a desmama de bovinos de corte utilizando dados simulados. Os dados foram simulados com a correlação genética aditiva direta maternal no valor de -0,50 e três razões de variância aditiva direta e aditiva maternal (1:1, 1:2 e 2:1), perfazendo um total de três cenários. Em cada cenário, os valores genéticos foram preditos incluindo-se ou não a covariância no modelo. As correlações de Spearman entre os postos dos animais considerando o valor genético predito na razão de variância 1:1, 1:2 e 2:1 foram 0,84, 0,46 e 0,85 respectivamente. No caso em que a variância direta é menor que a variância maternal a correlação foi média o que sugere menor proximidade entre as ordens de mérito. Nos demais cenários estas correlações foram altas e significativas sugerindo maior proximidade entre as ordens de mérito dos indivíduos. As diferenças entre as médias das acurácias foram significativas, porém com valores menores quando se inclui a covariância diferente de zero. Quando se inclui a covariância nos modelos de predição do valor genético dos animais a ordenação possui maior concordância entre predição e posto do que quando a covariância foi igual a zero.

Palavras chave: avaliação genética; efeito maternal; posto.

ABSTRACT

The objective was to study the effects on the ordering of the animals by their genetic value of the inclusion of direct maternal additive genetic covariance models of prediction of breeding values for weaning weight in beef cattle using simulated data. The data were simulated with maternal direct additive genetic correlation in the amount of -0.50 and three reasons direct additive variance and maternal additive (1: 1, 1: 2 and 2: 1), making a total of three scenarios. In each scenario, the breeding values were predicted including whether or not the covariance in the model. Spearman correlations between the animals of posts considering the genetic value predicted in the variance ratio 1: 1, 1: 2 and 2: 1 were 0.84, 0.46 and 0.85 respectively. In the case where the direct variance is lower than variance maternal average correlation was suggested that the proximity of the lowest order of merit. In other scenarios these correlations were high and significant suggesting greater proximity between the substantive orders of individuals. The differences between the mean accuracies were significant, but with lower values when it includes different from zero covariance. When including the covariance models to predict the genetic value of animals ordination has greater agreement between prediction and placed than when the covariance was zero.

Keywords: genetic evaluation; maternal effect; ranking.

1 INTRODUÇÃO

O mercado de bovinos de corte busca animais com maior velocidade de crescimento, fazendo com que os mesmos permaneçam menos tempo em pastagens ou confinamentos, encurtando o ciclo de produção. A fase de crescimento na pré-desmama concentra atenção e importância, em virtude de ser a fase com maior velocidade de crescimento (Heydarpour, 2008; Boligon et al., 2009).

O período que envolve a pré desmama é influenciado por alguns fatores considerados relevantes no peso final do bezerro, tais como: a habilidade materna, o grupo genético, o sexo, o mês e ano de nascimento, a idade da vaca, a idade do bezerro (Albuquerque e Meyer, 2005).

Os pesos ao nascer e à desmama são reconhecidamente características indicadoras dos efeitos maternos. A importância do efeito maternal durante a fase de crescimento pré-desmama tem como sustentação fisiológica a habilidade da mãe prover as necessidades mínimas capazes de permitir a sobrevivência e o desenvolvimento da sua prole (Ribeiro et al., 2009).

As características utilizadas na seleção de animais superiores no período pré-desmama podem ser afetadas não somente pelo genótipo do animal, como efeito direto, mas também pelo efeito maternal (Guterres et al., 2007)

É grande a busca por modelos que melhor predigam a covariância e os valores genéticos. Os modelos que incluem os efeitos maternos sejam genéticos ou ambientais apresentaram melhor predição. Os estudos de características de crescimento na pré-desmama de bovinos de corte têm estimado correlação negativa entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal (Vasconcellos et al., 2013).

A existência de correlação genética negativa entre os efeitos genéticos diretos e maternos sugerem o antagonismo entre os efeitos dos genes para potencial de crescimento e dos genes para a habilidade materna (Fernandes e Ferreira, 2000; Maniatis e Pollott, 2003; Splan et al., 2002; Pelicioni et al., 2003; Knackfuss et al., 2006; Castro-Pereira et al., 2007; Ribeiro et al., 2009; Gonçalves et al., 2011; Wasike et al., 2009; Souza et al., 2011; Santos et al., 2012).

A não inclusão da covariância genética direta-maternal no modelo, determina estimativas viesadas das covariâncias para caracteres sob efeito maternal, gerando pouca confiabilidade das mesmas, assim como dos parâmetros genéticos derivados,

o que conseqüentemente levaria a predições menos acuradas dos valores genéticos (Ferreira et al., 2011).

2 MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se dados simulados seguindo a metodologia descrita por Ferreira et al. (2011). Foram geradas 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório, de 1.000 vacas com 25 touros, não aparentados e não selecionados, formando a população base. A simulação estocástica considerou 20 anos de seleção, com critério de seleção baseado no valor genético dos animais. Esta simulação gerou, para cada um dos animais, valores fenotípicos do peso à desmama (PD), com base nos quais foram preditos os valores genéticos. As estimativas de (co)variâncias foram utilizadas no presente estudo, para a predição dos valores genéticos. O conjunto final de observações foi composto por dados de 289.600 indivíduos.

As predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo *MTDFREML* (*Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*), descrito e desenvolvido por BOLDMAN et al. (1995).

O modelo linear misto empregado para descrever cada observação foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

em que:

Y = vetor das observações da característica (PD);

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

β = vetor dos efeitos fixos;

Z_1 = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal;

a = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

Z_2 = matriz de incidência do efeito genético aditivo maternal de cada animal;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternais;

Z_3 = matriz de incidência do efeito do ambiente permanente maternal;

p = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

Os valores genéticos aditivos foram preditos considerando-se correlação genética aditiva direto-maternal igual a -0,50. Três razões entre variância genética direta e maternal (1:1, 1:2 e 2:1) e duas classes que consideraram a covariância

genética entre os efeitos direto e maternal conforme a simulação dos dados e outro como igual a zero, totalizando 6 cenários.

As razões de variâncias são aplicadas da seguinte forma: variância genética aditiva direta de 75 e variância genética aditiva maternal de 75 o que resulta em uma razão de variância de 1:1, variância genética aditiva direta de 50 e variância genética aditiva maternal de 100 o que resulta em uma razão de variância de 1:2 e variância genética aditiva direta de 100 e variância genética aditiva maternal de 50 o que resulta em uma razão de variância de 2:1.

Os indivíduos foram ordenados pelo seu valor genético predito direto para peso à desmama considerando-se $r_{am} = -0,50$ e foi feita seleção por truncamento dos 3.000 animais superiores, correspondendo a aproximadamente 1% do total de animais. Para cada um desses indivíduos foram assinalados dois valores de ordenação (posto) em função do seu valor genético predito incluindo a covariância (PVGA) e do seu valor genético predito com covariância considerada como zero (PVGAC0).

Para a avaliação do efeito da inclusão ou não da covariância genética aditiva direto-maternal no modelo, calculou-se a diferença entre os valores genéticos preditos (PVGA e PVGAC0), e a análise da correlação de Spearman entre postos dos indivíduos.

Os valores médios das acurácias dos valores genéticos preditos (PVGA e PVGAC0) foram comparados pelo teste t de Student, para verificar o efeito da inclusão da covariância sobre esta correlação.

3 RESULTADO E DISCUSSÃO

Os arquivos foram agrupados contendo 3000 animais ordenados por postos definido pelo seu valor genético predito incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal (PVGA) e pelo seu valor genético predito quando a covariância genética aditiva direta maternal foi considerada igual a zero (PVGAC0) para a correlação estudada $r_{am} = -0,50$ e razões entre variância genética direta e maternal (1:1, 1:2 e 2:1). Em todos os cenários foram observados maior número de animais do que era esperado, selecionando animais no modelo considerou a covariância como igual a zero (PVGAC0) e não seriam selecionados no modelo que inclui a covariância diferente de zero (PVGA).

Na Tabela 1, nos cenários simulados considerando as razões de variância genética aditiva direta-maternal 1:1, 1:2 e 2:1 os números de animais selecionados foram 3442, 4188 e 3399 respectivamente. No cenário simulado com a razão de variância 1:2 1188 animais foram selecionados no modelo que considera a covariância diferente de zero e não foram selecionados no modelo que considera a covariância igual a zero.

Tabela 1. União dos arquivos contendo os animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0)

	Razão de variância genética aditiva direta-maternal	Número de indivíduos selecionados
$r_{am} = -0,50$	1:1	3442
	1:2	4188
	2:1	3399

A correlação de Spearman entre os postos dos indivíduos classificados de acordo com PVGA e PVGAC0, apresentada na Tabela 2, em dois cenários de razões de variância, 1:1 e 2:1 com valores de 0,84 e 0,85, respectivamente, foram altos e significativos, o que sugere proximidade entre as ordens de mérito dos animais. No cenário 1:2 com o valor de 0,46, correlação foi média, com menor proximidade entre as ordens de mérito dos animais avaliados.

Tabela 2. Correlação de Spearman entre os postos dos animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0)

	Razão de variância genética aditiva direta-maternal	Correlação de Spearman
$r_{am} = -0,50$	1:1	0,84
	1:2	0,46
	2:1	0,85

Ao analisar a média da diferença entre os postos dos animais (PVGA-PVGAC0) nos três diferentes cenários, foram gerados gráficos que mostram a variação na magnitude das diferenças entre postos apresentado na Figura 1. Os gráficos demonstram diferenças entre incluir ou não a covariância nos modelos de avaliações genéticas. Observam-se discretas diferenças nos primeiros postos, acentuando-se de forma crescente na medida em que os postos se elevam.

Nos cenários 1:1 e 2:1 houve variação das diferenças entre os postos crescentes a partir daqueles animais que obtinham o maior valor genético predito. Nestes mesmos cenários observou-se maiores concentrações de postos com diferenças positivas a partir do posto 1000 e menores concentrações de postos com diferenças negativas. O grupo de postos com diferenças positivas representam aqueles animais que não foram selecionados no modelo caso não fosse incluída a covariância, na predição do valor genético (PVGA). No cenário 1:2 esta variação ocorreu nos primeiros postos nos animais de maior valor genético

Na Figura 2 é apresentada a distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0), em função dos postos dos animais. Observam-se maiores alterações nos gráficos onde não há a inclusão da covariância (gráfico 2, 4 e 6), com maiores dispersões dos valores genéticos preditos, em relação aos gráficos que incluem a covariância genética aditiva direta-maternal (gráfico 1, 3 e 5). Os gráficos demonstram que ao incluir a covariância nos modelos de predição do valor genético predito ocorre maior concordância entre predição e posto.

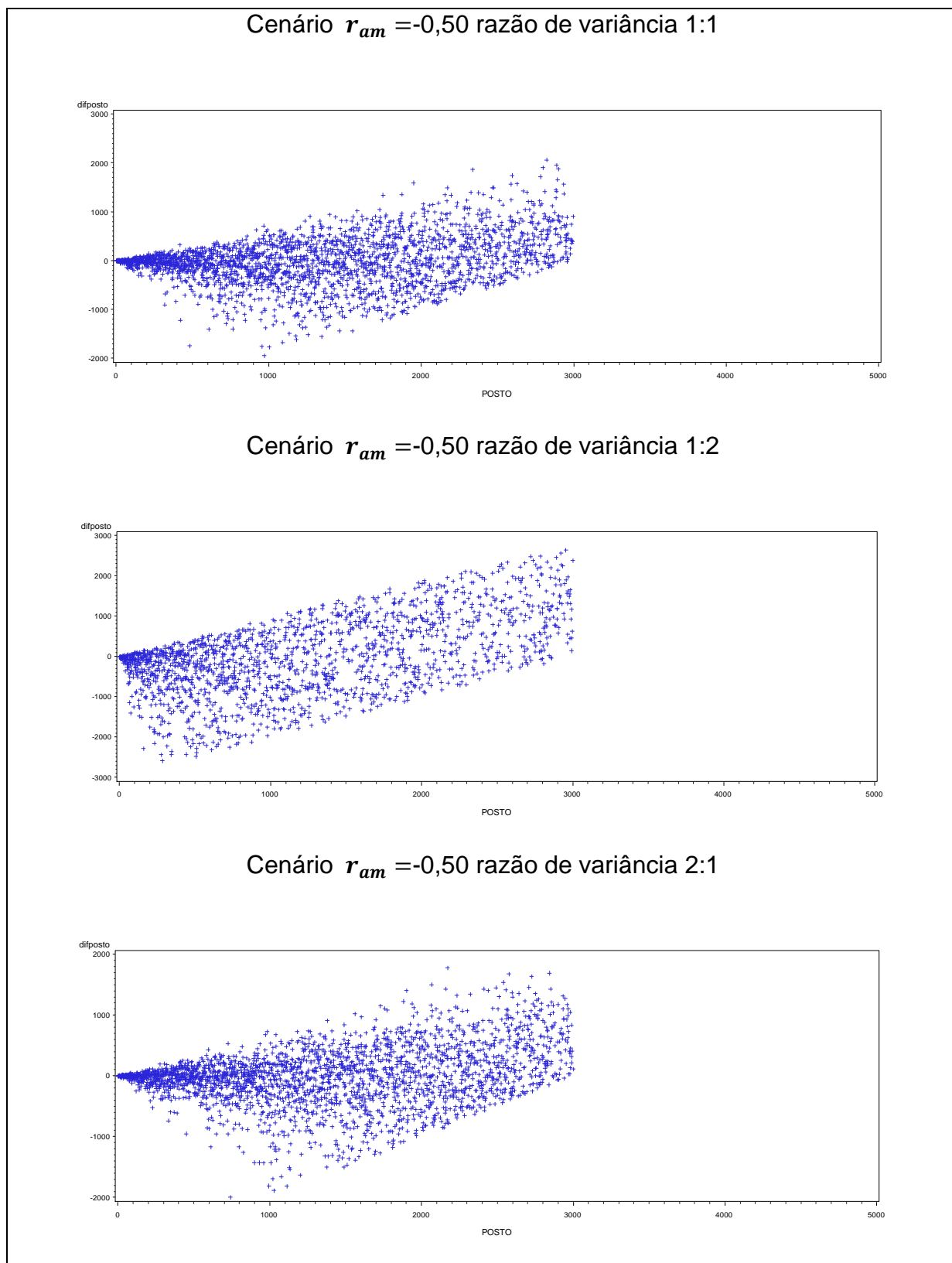


Figura 1. Distribuição das diferenças entre postos dos indivíduos, assinalados em função do PVGA e PVGAC0, em relação aos postos segundo PVGA.

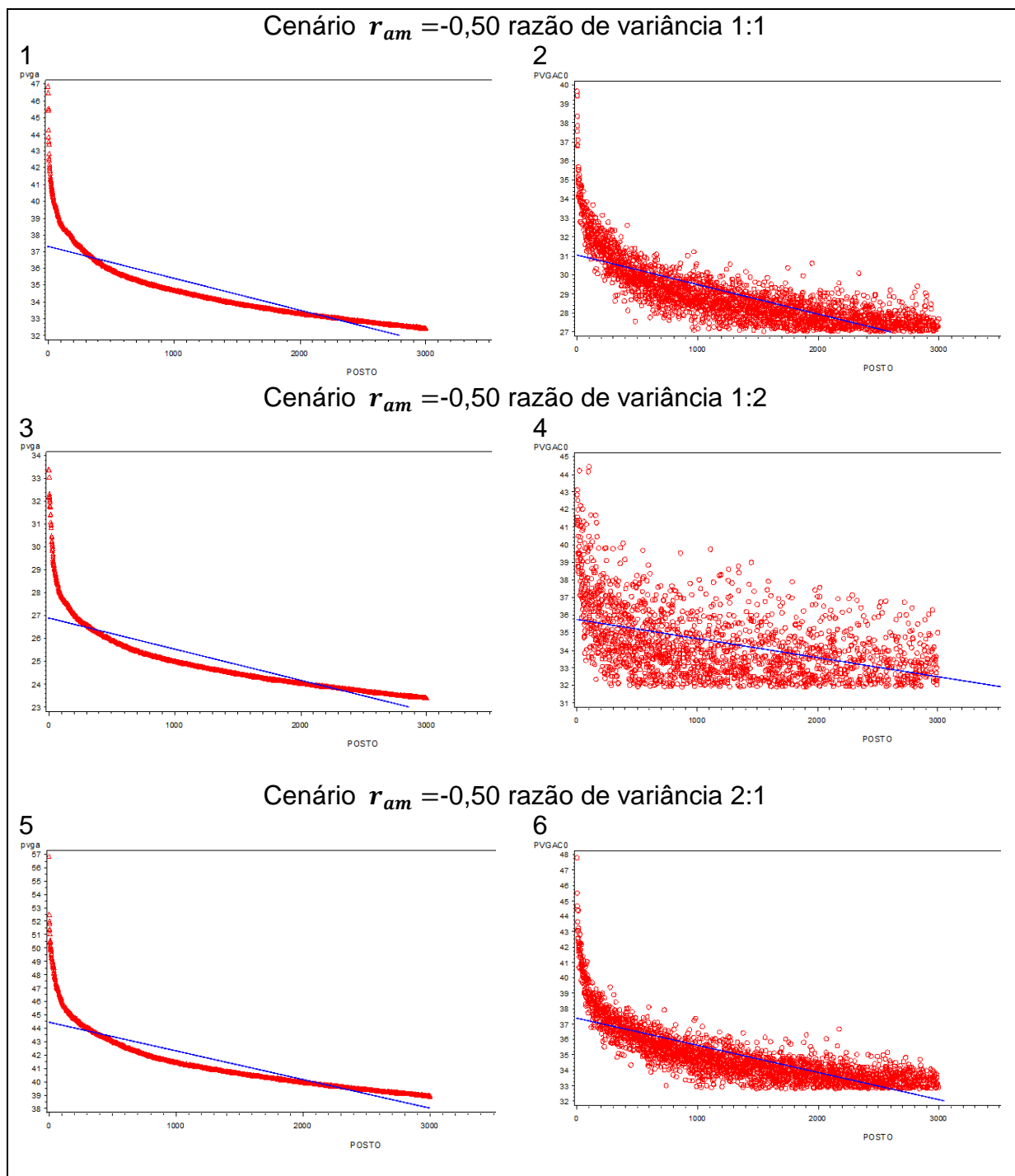


Figura 2. Distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (PVGa - 1, 3 e 5) e igual a zero (PVGAC0 - 2, 4 e 6), em função dos postos dos animais.

Ao se compararem as acurácias médias estimadas para a predição dos valores genéticos obtidos no cenário de correlação $-0,50$ nas três razões de variâncias estudadas as diferenças entre estas foram significativas ($p < 0,001$) para o teste t de

Student. Este resultado sugere que a inclusão da covariância no modelo de análise afeta a acurácia das predições.

Tabela 3. Médias das acurácias da predição dos valores genéticos, obtidas incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal no modelo (PVGA), e obtidas considerando esta covariância igual a zero (PVGAC0), comparadas pelo teste t de Student.

	Razão de variância genética aditiva direta –maternal	Média das acurácias		
		PVGA	PVGAC0	
$r_{am} = -0,50$	1:1	0,5465	0,5581	***
	1:2	0,5180	0,6365	***
	2:1	0,5903	0,6008	***

*** diferenças significativas ($p < 0,001$)

4 CONCLUSÃO

Conclui-se que no cenário de correlação negativa no valor de $-0,50$, que ao incluir a covariância genética aditiva direta maternal nas predições do valor genético direto de peso à desmama leva a alteração na ordem de mérito dos indivíduos.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD et al (1995). A manual for use of MTDFREML a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. Lincoln: *Department of Agriculture/Agriculture Research Service*, 115p.

Boligon, AA, Albuquerque IG, Mercadante MEZ, Lôbo RB (2009). Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Rev. bras. zootec.*, v.38, n.12, p.2320-2326.

Castro-Pereira VM, Alencar MM, Barbosa PF (2007). Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para característica de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. *R. Bras. Zootec.*, v.36, n.4, p.1037-1044, 2007.

Fernandes HD e Ferreira GB (2000). Estudo comparativo de sete diferentes modelos estatísticos para a características ganho de peso em bovinos de corte. *Rev. bras. zootec.*, v.29 n.5, p.1340-1348.

Ferreira JL, Reyes A, Carvalheiro R, Lôbo RB (2011). Efeitos da inclusão ou não da covariância genética direta-maternal no modelo e dos valores reais das (co)variâncias sobre suas estimativas para peso à desmama em bovinos de corte. *Ci. Animal. Bras.*, v.12, n.3, p.435-442, jul./set.

Gonçalves FM, Pires AV, Pereira IG, Garcia DA, Farah MM, Meira CT, Cruz VAR (2011). Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.63, n.1, p.158-164.

Guterres LFW, Rorato PRN, Boligon AA, Weber T, Kippert CJ, Lopes JS, Souza PRS (2007). Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.3, p.809-814, mai-jun.

Heydarpour M, Schaeffer LR, Yazdi H (2008). Influence of population structure on estimates of direct and maternal parameters. *J. Anim. Breed. Genet.* 125:89-99.

Knackfuss FB, Razook AG, Mercadante MEZ, Cyrillo JNSG, Figueiredo LA, Tonhati H (2006). Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir.2. Estimativas de variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características de crescimento. *R. Bras. Zootec.*, v.35, n.3, p.726-732.

Maniatis N e Pollott GE (2003). The impact of data structure an genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *J. Anim. Sci.*, 81: 101-108.

Pelicioni LC, Queiroz AS, Albuquerque LG (2003). Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzerá. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 11(1): 34-39.

Ribeiro SHA, Pereira JCC, Verneque RS, Silva MA, Bergmann JAG (2009). Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.61, n.2, p.401-406.

Santos GCJ, Lopes FB, Marques EG, Silva MC, Cavalcante TV, Ferreira JL (2012). Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, Maringá, v.34, n.1, p.97-101, jan-mar.

Souza JC, Silva LOC, Gondo A, Freitas JA, Malhado CHM, Ferrar Filho PB, Sereno JRB, Weaber RL, Lamberson WR (2011). Parâmetros e tendências genéticas do peso de bovinos criados á pasto no Brasil. *Arch. Zootec.*, v.60, n.231, p.457-465.

Splan RK, Cundiff LV, Dikeman ME, Van Vleck LD (2002). Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetic effects for carcass traits in crossbred cattle. *J. Anim. Sci.*, 80: 3107-3111.

Vasconcellos BF, Reys A de los, Santana MG, Ferreira JL (2013). Efeito da inclusão ou não da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados de gado de corte. In: Anais do XV Congresso Internacional de Producción Animal Tropical, La Habana, Cuba.

Wasike CB, Indetie D, Ojango JMK, Kahi AK (2009). Direct and maternal (co)variance components and genetic parameters for growth and reproductive traits in the Boran cattle in Kenya. *Trop. Anim. Health Prod.* 41:741-748.

CAPÍTULO 3. EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA DIRETA-MATERNAL SOBRE AS PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS COM CORRELAÇÃO IGUAL A -0,25

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo estudar os efeitos, sobre a ordenação dos animais por seu valor genético, da inclusão da covariância genética aditiva direta maternal nos modelos de predição dos valores genéticos de peso a desmama de bovinos de corte, utilizando dados simulados. Os dados foram simulados com a correlação genética aditiva direta maternal no valor de -0,25 e três razões de variância aditiva direta e aditiva maternal (1:1, 1:2 e 2:1), perfazendo um total de três cenários. Em cada cenário, os valores genéticos foram preditos incluindo-se ou não a covariância no modelo. A correlação de Spearman entre os postos dos animais considerando o valor genético predito na razão de variância 1:1, 1:2 e 2:1 foram 0,96, 0,95 e 0,97 respectivamente. Em todos os casos as correlações foram altas e significativas sugerindo grande proximidade entre as ordens de mérito dos indivíduos. As diferenças entre as médias das acurácias foram significativas nos cenários onde as variâncias eram iguais (1:1) e no cenário onde a variância maternal era maior que a aditiva (1:2). No cenário onde o valor da variância aditiva era maior que a variância maternal não foi observado diferença entre as médias das acurácias. Quando se inclui a covariância nos modelos de predição do valor genético dos animais a ordenação possui maior concordância entre predição e posto do que quando a covariância foi igual a zero.

Palavras chave: avaliação genética; efeito maternal; posto.

ABSTRACT

This work aimed to study the effects on the ordering of animals by their genetic value of the inclusion of direct maternal additive genetic covariance models of prediction of breeding values for weaning weight in beef cattle using simulated data. The data were simulated with maternal direct additive genetic correlation in the amount of -0.25 and three reasons direct additive variance and maternal additive (1: 1, 1: 2 and 2: 1), making a total of three scenarios. In each scenario, the breeding values were predicted including whether or not the covariance in the model. The Spearman correlation between the animals of posts considering the genetic value predicted the variance ratio 1: 1, 1: 2 and 2: 1 were 0.96, 0.95 and 0.97 respectively. In all cases, the correlations were high and significant suggesting great merit of proximity between the individual orders. The differences between the mean accuracies were significant in scenarios where the variances were equal (1: 1) and in the scenario where the maternal variance was greater than additive (1: 2). In the scenario where the value of the additive variance was greater than the maternal variance no difference was observed between the mean accuracies. When including the covariance models to predict the genetic value of animals ordination has greater agreement between prediction and placed than when the covariance was zero.

Keywords: genetic evaluation; maternal effect; ranking.

1 INTRODUÇÃO

Para os programas de seleção, as características de crescimento de bovinos de corte são relevantes. O conhecimento da influência materna em características pré e pós-desmama é fundamental, quando se objetiva a formulação de programas de melhoramento genético (Boligon et al., 2009).

Quando se analisam dados de bovinos de corte, não somente é necessária a diferenciação de fatores genéticos e ambientais, bem como o fator genético deve ser separado em efeitos diretos e maternos (Valente et al., 2008).

O conhecimento da influência materna sobre os pesos pré-desmama e a correlação existente entre o efeito genético aditivo direto e o materno são importantes para que se tenham resultados de herdabilidade precisa e não viesadas, pois o antagonismo entre eles poderia ter consequências para o programa de melhoramento genético (Fernandes e Ferreira, 2000; Splan et al., 2002; Maniatis e Pollott, 2003; Pelicioni et al., 2003; Knackfuss et al., 2006; Guterres et al., 2007; Castro-Pereira et al., 2007; Valente et al., 2008; Ribeiro et al., 2009; Wasike et al., 2009; Ferreira et al., 2011; Gonçalves et al., 2011; Souza et al., 2011; Santos et al., 2012).

Se for ignorado o efeito direto e maternal nos modelos considerando a covariância como zero, Assan (2013) menciona que as classificações por mérito destes animais estarão incorretas ou distorcidas.

Ao estimar parâmetros genéticos para o ganho médio diário de peso do nascimento à desmama a covariância entre o efeito genético aditivo direto e o maternal deve ser considerada no modelo, uma vez que sua inclusão pode promover redução no componente de variância residual, conferindo melhor ajuste aos dados, ou seja, não incluir a covariância pode alterar a ordem de classificação dos animais (Guterres et al., 2007).

Não considerar a covariância genética direta-maternal no modelo de análise para se estimar as (co)variâncias e os parâmetros genéticos do crescimento até a desmama, pode resultar em valores estimados viesados das (co)variâncias, interferindo nas estimativas dos parâmetros genéticos, na predição dos valores genéticos dos animais e no ganho genético por seleção (Abbasi et al., 2012).

Devido os resultados de campo terem grandes variações no valor da covariância entre os efeitos genéticos aditivo direto e genético aditivo maternal nos modelos de predição torna-se importante determinar o efeito da inclusão. Diferenças

pequenas nos valores das estimativas podem alterar as posições de um grande número de animais no ordenamento pelo valor genético (Assan, 2013).

2 MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se dados simulados seguindo a metodologia descrita por Ferreira et al. (2011). Foram geradas 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório de 1.000 vacas com 25 touros, não aparentados e não selecionados, formando a população base. A simulação estocástica considerou 20 anos de seleção, com critério de seleção baseado no valor genético dos animais. Esta simulação gerou, para cada um dos animais, valores fenotípicos do peso à desmama (PD), com base nos quais foram preditos os valores genéticos. As estimativas de (co)variâncias foram utilizadas no presente estudo, para a predição dos valores genéticos. O conjunto final de observações foi composto por dados de 289.600 indivíduos.

As predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo *MTDFREML* (*Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*), descrito e desenvolvido por BOLDMAN et al. (1995).

O modelo linear misto empregado para descrever cada observação foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

em que:

Y = vetor das observações da característica (PD);

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

β = vetor dos efeitos fixos;

Z_1 = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal;

a = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

Z_2 = matriz de incidência do efeito genético aditivo maternal de cada animal;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternais;

Z_3 = matriz de incidência do efeito do ambiente permanente maternal;

p = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

Os valores genéticos aditivos foram preditos considerando-se correlação genética aditiva direto-maternal igual a -0,25. Três razões entre variância genética direta e maternal (1:1, 1:2 e 2:1) e duas classes que consideraram a covariância

genética entre os efeitos direto e maternal conforme a simulação dos dados e outro como igual a zero, totalizando 6 cenários.

As razões de variâncias são aplicadas da seguinte forma: variância genética aditiva direta de 75 e variância genética aditiva maternal de 75 o que resulta em uma razão de variância de 1:1, variância genética aditiva direta de 50 e variância genética aditiva maternal de 100 o que resulta em uma razão de variância de 1:2 e variância genética aditiva direta de 100 e variância genética aditiva maternal de 50 o que resulta em uma razão de variância de 2:1.

Os indivíduos foram ordenados pelo seu valor genético predito direto para peso à desmama considerando-se $r_{am} = -0,25$ e foi feita seleção por truncamento dos 3.000 animais superiores, correspondendo a aproximadamente 1% do total de animais. Para cada um desses indivíduos foram assinalados dois valores de ordenação (posto) em função do seu valor genético predito incluindo a covariância (PVGA) e do seu valor genético predito com covariância considerada como zero (PVGAC0).

Para a avaliação do efeito da inclusão ou não da covariância genética aditiva direto-maternal no modelo, calculou-se a diferença entre os valores genéticos preditos (PVGA e PVGAC0), e a análise da correlação de Spearman entre postos dos indivíduos.

Os valores médios das acurácias dos valores genéticos preditos (PVGA e PVGAC0) foram comparados pelo teste t de Student, para verificar o efeito da inclusão da covariância sobre esta correlação.

3 RESULTADO E DISCUSSÃO

Foram agrupados os dados contendo 3000 animais ordenados por seus valores genético preditos incluindo a covariância no modelo (PVGA) e com valor da covariância igual a zero (PVGAC0) para a cenário que considera $r_{am} = -0,25$ e razões entre variância genética aditiva direta e maternal (1:1, 1:2 e 2:1). Observou-se maiores números de animais selecionados do que esperado pela seleção por truncamento, indicando que animais que foram selecionados pelo seu valor genético predito para o cenário que considerava a covariância como igual a zero (PVGAC0) e não seriam selecionados no outro modelo de predição que assume o valor da covariância genética aditiva direta maternal diferente de zero (PVGA). Estes resultados são apresentados na Tabela 1, que nos cenários simulados considerando as razões de variância genética aditiva direta-maternal 1:1, 1:2 e 2:1 os números de animais selecionados foram 3183, 3185 e 3146 respectivamente.

Tabela 1. União dos arquivos contendo os animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0)

	Razão de variância genética aditiva direta-maternal	Número de indivíduos selecionados
$r_{am} = -0,25$	1:1	3183
	1:2	3185
	2:1	3146

O cálculo da correlação de Spearman entre os postos dos indivíduos classificados de acordo com PVGA e PVGAC0, apresentados na Tabela 2, nos três cenários de razão de variância 1:1, 1:2 e 2:1 resultou em valores de correlações 0,96, 0,95 e 0,97, respectivamente. Estes valores foram altos e significativos, sugerindo proximidade entre as ordens de mérito dos animais, concordando com os resultados encontrados com dados simulados apresentados por Vasconcellos et al. (2013) e com dados de campo apresentados por Ribeiro et al. (2009).

Tabela 2. Correlação de Spearman entre os postos dos animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0)

	Razão de variância genética aditiva direta-maternal	Correlação de Spearman
$r_{am} = -0,25$	1:1	0,96
	1:2	0,95
	2:1	0,97

As diferenças entre os postos dos animais (PVGA-PVGAC0) nos cenários das três razões de variâncias são apresentadas na Figura 1. Ao se observar a figura verificam variações das diferenças entre os postos, o que ocorreu de forma crescente à medida que elevava o número dos postos dos indivíduos de maior valor genético. Observou-se também que a partir do posto 2000 um número de postos de diferenças positivas que são animais que estariam fora da seleção se caso no modelo não fosse incluída a covariância.

A distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0), em função dos postos dos animais é apresentada na Figura 2. Os gráficos que assumem a covariância genética aditiva direto maternal diferente de zero (gráfico 1, 3 e 5) mostram concordância maior entre predição e posto do que os gráficos no qual a covariância genética aditivo direto maternal é tomada como zero (gráfico 2, 4 e 6). Estes resultados demonstram uniformidade dos dados quando se inclui a covariância genética aditiva direta maternal nos modelos de predição dos valores genéticos.

Ao se compararem as acurácias médias estimadas para a predição dos valores genéticos obtidos no cenário de correlação -0,25 onde a variância aditiva é maior que a variância maternal (2:1) não foi significativa a diferença entre as médias, ao teste t de Student ($p < 0,001$). Este resultado sugere que a inclusão ou não da covariância no modelo de análise neste cenário não afeta a acurácia das predições. Por outro lado nos outros dois cenários (1:1 e 1:2) as diferenças das médias das acurácias comparadas pelo teste t de Student foram significativas, indicando que a acurácia das predições será afetada se, no modelo, for incluída a covariância genética aditiva direta maternal. Observou-se também que nestes dois cenários os valores da média das

acurácias foram menores nos modelos de predição que incluíram o valor da covariância diferente de zero.

Tabela 3. Médias das acurácias da predição dos valores genéticos, obtidas incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal no modelo (PVGA), e obtidas considerando esta covariância igual a zero (PVGAC0), comparadas pelo teste t de Student.

	Razão de variância genética aditiva direta –maternal	Média das acurácias		
		PVGA	PVGAC0	
$r_{am} = -0,25$	1:1	0,5696	0,5787	***
	1:2	0,5189	0,5293	***
	2:1	0,6179	0,6176	ns

ns – diferenças não significativas ($p < 0,001$); *** diferenças significativas ($p < 0,001$)

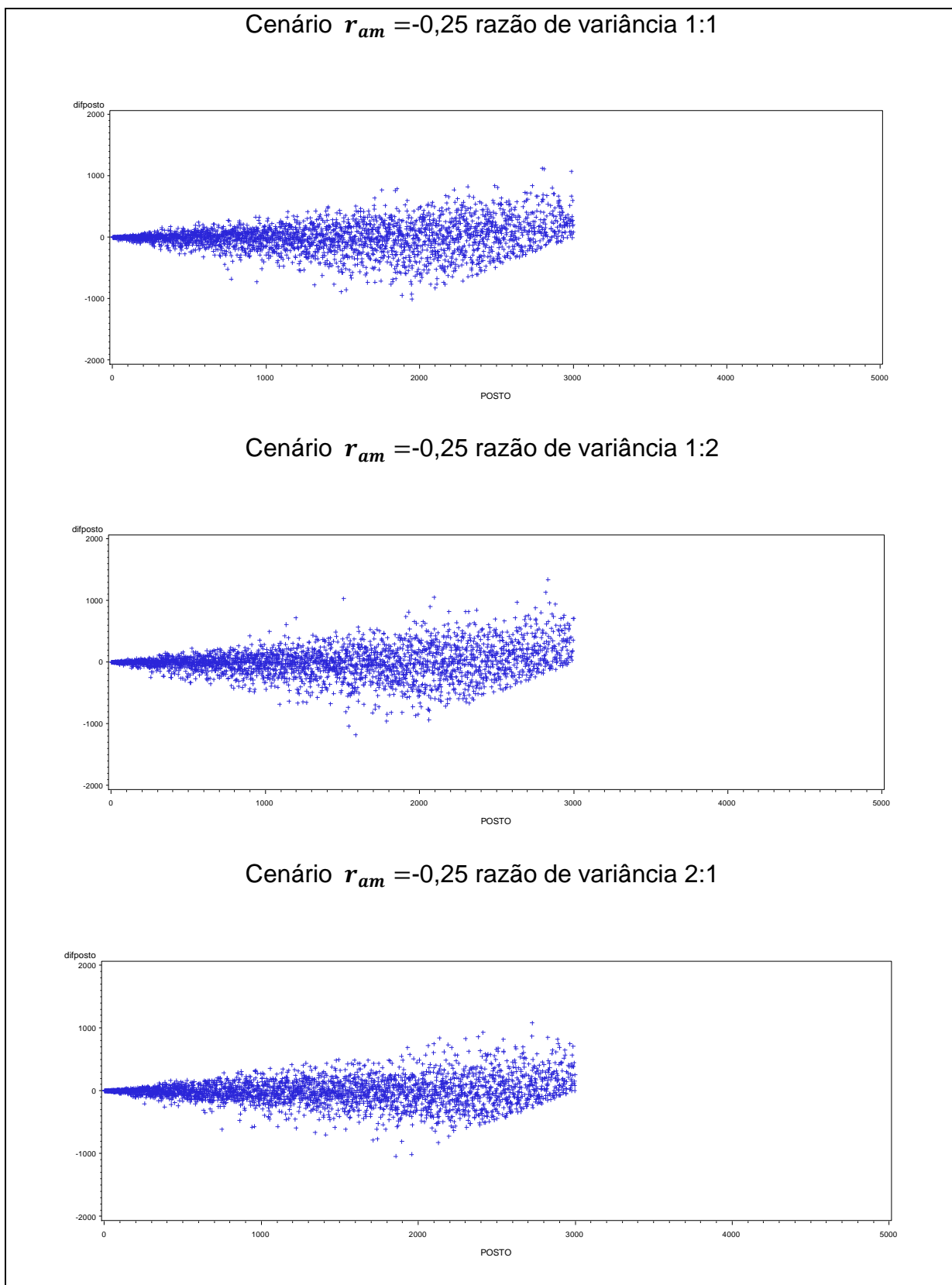


Figura 1. Distribuição das diferenças entre postos dos indivíduos, assinalados em função do PVGA e PVGAC0, em relação aos postos segundo PVGA.

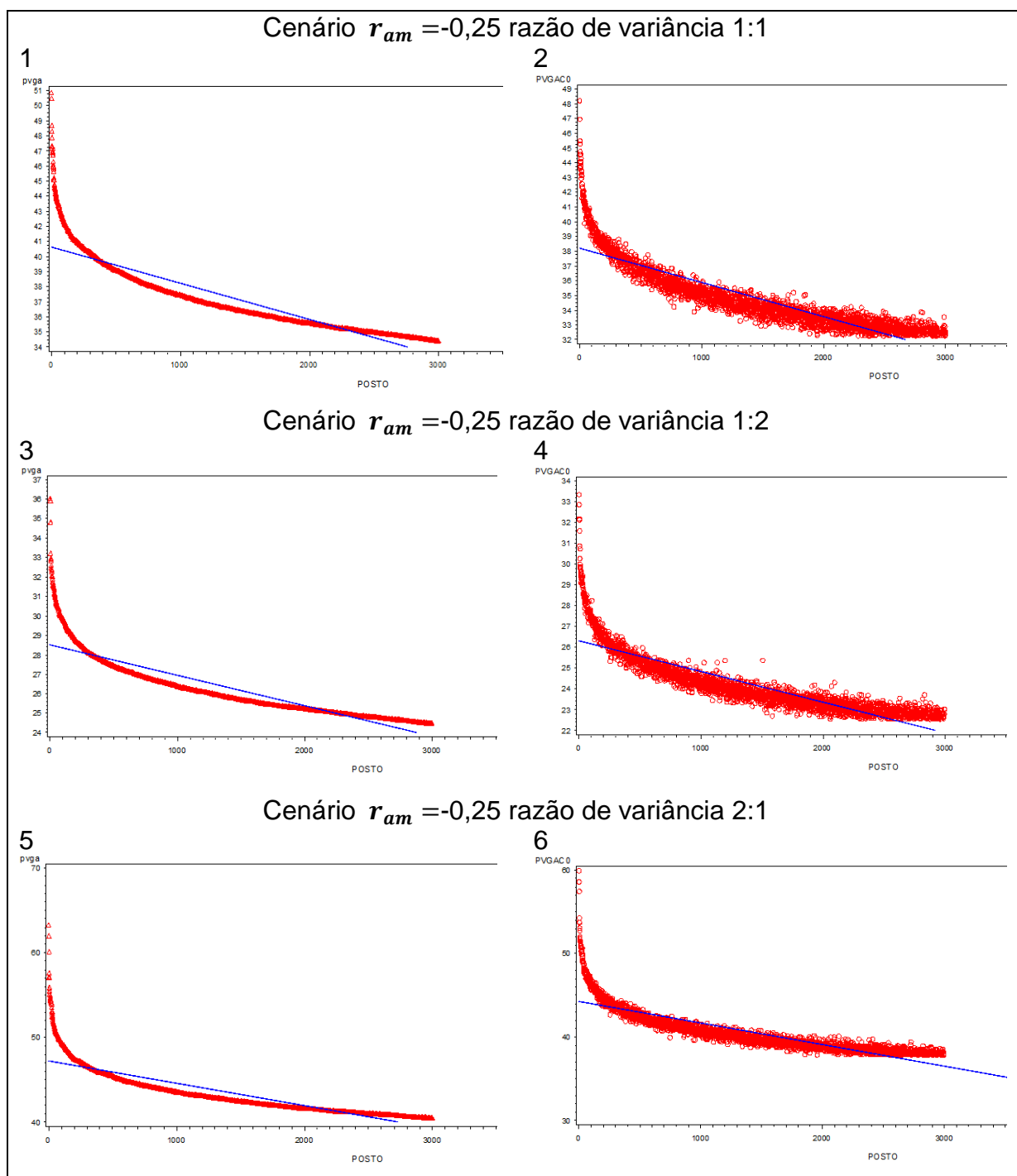


Figura 2. Distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (1, 3 e 5) e igual a zero (2, 4 e 6), em função dos postos dos animais determinados a partir do PVGA.

4 CONCLUSÃO

Conclui-se que no cenário de correlação negativa no valor de $-0,25$, que ao incluir a covariância genética aditiva direta maternal nas predições do valor genético direto de peso à desmama ocorre a alteração na ordem de mérito dos indivíduos e maior concordância entre predição e posto.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abbasi MA, Abdollahi-Arpanahi R, Maghsoudi A Vaez TR, Nejati-Javaremi A (2012). Evaluation of models for estimation of genetic parameters and maternal effects for early growth traits of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 104: 62-69.

Assan N (2013). Magnitude of correlation between direct and maternal genetic effects for growth traits in ruminants. *Scientific Journal of Review*, v.2, n.4, p.106-112.

Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD et al (1995). A manual for use of MTDFREML a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. Lincoln: *Department of Agriculture/Agriculture Research Service*, 115p.

Boligon, AA, Albuquerque IG, Mercadante MEZ, Lôbo RB (2009). Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Rev. bras. zootec.*, v.38, n.12, p.2320-2326.

Castro-Pereira VM, Alencar MM, Barbosa PF (2007). Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para característica de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. *R. Bras. Zootec.*, v.36, n.4, p.1037-1044, 2007.

Fernandes HD e Ferreira GB (2000). Estudo comparativo de sete diferentes modelos estatísticos para a características ganho de peso em bovinos de corte. *Rev. bras. zootec.*, v.29 n.5, p.1340-1348.

Ferreira JL, Reyes A, Carvalheiro R, Lôbo RB (2011). Efeitos da inclusão ou não da covariância genética direta-maternal no modelo e dos valores reais das (co)variâncias sobre suas estimativas para peso à desmama em bovinos de corte. *Ci. Animal. Bras.*, v.12, n.3, p.435-442, jul./set.

Gonçalves FM, Pires AV, Pereira IG, Garcia DA, Farah MM, Meira CT, Cruz VAR (2011). Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.63, n.1, p.158-164.

Guterres LFW, Rorato PRN, Boligon AA, Weber T, Kippert CJ, Lopes JS, Souza PRS (2007). Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.3, p.809-814, mai-jun.

Knackfuss FB, Razook AG, Mercadante MEZ, Cyrillo JNSG, Figueiredo LA, Tonhati H (2006). Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir. 2. Estimativas de variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características de crescimento. *R. Bras. Zootec.*, v.35, n.3, p.726-732.

Maniatis N e Pollott GE (2003). The impact of data structure an genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *J. Anim. Sci.*, 81: 101-108.

Pelicioni LC, Queiroz AS, Albuquerque LG (2003). Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzará. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 11(1): 34-39.

Ribeiro SHA, Pereira JCC, Verneque RS, Silva MA, Bergmann JAG (2009). Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.61, n.2, p.401-406.

Santos GCJ, Lopes FB, Marques EG, Silva MC, Cavalcante TV, Ferreira JL (2012). Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, Maringá, v.34, n.1, p.97-101, jan-mar.

Souza JC, Silva LOC, Gondo A, Freitas JA, Malhado CHM, Ferrar Filho PB, Sereno JRB, Weaber RL, Lamberson WR (2011). Parâmetros e tendências genéticas do peso de bovinos criados á pasto no Brasil. *Arch. Zootec.*, v.60, n.231, p.457-465.

Splan RK, Cundiff LV, Dikeman ME, Van Vleck LD (2002). Estimates of parameters between direct and maternal genetic effects for weaning weight and direct genetic effects for carcass traits in crossbred cattle. *J. Anim. Sci.*, 80: 3107-3111.

Valente BD, Silva MA, Silva LOC, Bergmann JAG, Pereira JCC, Fridrich AB, Ferreira IC, Corrêa GSS (2008). Estruturas de covariâncias de peso em função da idade de animais Nelore das regiões sudeste e centro-oeste do Brasil. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.60, n.2, p.389-400.

Vasconcellos BF, Reyes A de los, Santana MG, Ferreira JL (2013). Efeito da inclusão ou não da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados de gado de corte. In: Anais do XV Congresso Internacional de Producción Animal Tropical, La Habana, Cuba.

Wasike CB, Indetie D, Ojango JMK, Kahi AK (2009). Direct and maternal (co)variance components and genetic parameters for growth and reproductive traits in the Boran cattle in Kenya. *Trop. Anim. Health Prod.* 41:741-748.

CAPÍTULO 4. EFEITO DA INCLUSÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA ADITIVA DIRETA-MATERNAL SOBRE AS PREDIÇÕES DO VALOR GENÉTICO ADITIVO DIRETO DO PESO À DESMAMA EM DADOS SIMULADOS COM CORRELAÇÃO IGUAL A 0,25

RESUMO

Avaliaram-se os efeitos, sobre a ordenação dos animais por seu valor genético, da inclusão da covariância genética aditiva direta maternal nos modelos de predição dos valores genéticos de peso a desmama de bovinos de corte utilizando dados simulados. Os dados foram simulados com a correlação genética aditiva direta maternal no valor de 0,25 e três razões de variância aditiva direta e aditiva maternal (1:1, 1:2 e 2:1), perfazendo um total de três cenários. Em cada cenário, os valores genéticos foram preditos incluindo-se ou não a covariância no modelo. A correlação de Spearman entre os postos dos animais considerando o valor genético predito na razão de variância 1:1, 1:2 e 2:1 foram 0,92, 0,91 e 0,96 respectivamente, em todos os casos a correlação foi alta e significativa sugerindo maior proximidade entre as ordens de mérito dos indivíduos. As diferenças entre as médias das acurácias avaliadas pelo teste t de Student foram significativas e maiores quando a covariância foi diferente de zero. Ao incluir a covariância nos modelos de predição do valor genético dos animais ocorreram alterações na ordem de mérito dos animais.

Palavras chave: avaliação genética; efeito maternal; posto.

ABSTRACT

We assessed the effects on the ordering of the animals by their genetic value of the inclusion of direct maternal additive genetic covariance models of prediction of breeding values for weaning weight in beef cattle using simulated data. The data were simulated with maternal direct additive genetic correlation in the amount of 0.25 and three reasons direct additive variance and maternal additive (1: 1, 1: 2 and 2: 1), making a total of three scenarios. In each scenario, the breeding values were predicted including whether or not the covariance in the model. The Spearman correlation between the animals of posts considering the genetic value predicted the variance ratio 1: 1, 1: 2 and 2: 1 were 0.92, 0.91 and 0.96 respectively, in all cases the correlation was high and significant suggesting greater proximity between the substantive orders of individuals. The differences between the mean accuracies evaluated by Student's t test were significant and higher when the covariance was nonzero. By including the covariance models to predict genetic value of the animals were no changes in the animal order of merit.

Keywords: genetic evaluation; maternal effect; ranking.

1 INTRODUÇÃO

Práticas que levam em conta a preservação do meio ambiente e menor gasto energético são discutidos em todas as áreas de produção. Na produção de bovinos de corte, tem se trabalhado com seleção de animais que melhor aproveitam a energia consumida e convertendo a mesma em carne no menor espaço de tempo (Cerri e Carvalho, 2012; Moreli, 2013).

Os pesos tomados às várias idades são mensuradas e analisadas como forma de se obter melhores resultados no ganho de peso dos animais. Entre o nascimento e a desmama ocorre um crescimento expressivo, o que torna um período importante (Heydarpour, 2008; Boligon et al., 2009).

O peso à desmama é influenciado não somente pelos genes herdados dos pais, como também por fatores que devem ser separados entre o que são efeitos maternos e bem como efeitos ambientais. O efeito maternal é um efeito genético na vaca e um efeito ambiental para o bezerro, porém separar estes efeitos e quantificá-los seja de difícil mensuração (Willham, 1980; Lôbo et al., 2014).

A correlação entre o efeito genético aditivo direto-maternal em dados de campo mostram uma amplitude muito grande de resultados passando de valores negativos para valores positivos, o que dificulta a inclusão da covariância entre os efeitos nos modelos pelos programas de avaliação genética, pelo fato de ser um dado de difícil mensuração a campo. O levam os programas de melhoramento genético animal, considerar covariância como igual a zero (Schaeffer, 1993; Waldron et al., 1993; Eler et al., 2000; Fridrich et al., 2005; Guterres et al., 2007; Ribeiro et al., 2009; Wasike et al., 2009).

Ao assumir a covariância como igual a zero nos modelos de predição dos valores genéticos podem resultar em erros de predição, alterando os valores genéticos preditos dos animais e a posição na ordem de mérito dos animais avaliados (Assan, 2013; Júnior et al., 2013).

2 MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se dados simulados seguindo a metodologia descrita por Ferreira et al. (2011). Foram geradas 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório de 1.000 vacas com 25 touros, não aparentados e não selecionados, formando a população base. A simulação estocástica considerou 20 anos de seleção, com critério de seleção baseado no valor genético dos animais. Esta simulação gerou, para cada um dos animais, valores fenotípicos do peso à desmama (PD), com base nos quais foram preditos os valores genéticos. As estimativas de (co)variâncias foram utilizadas no presente estudo, para a predição dos valores genéticos. O conjunto final de observações foi composto por dados de 289.600 indivíduos.

As predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo *MTDFREML* (*Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*), descrito e desenvolvido por BOLDMAN et al. (1995).

O modelo linear misto empregado para descrever cada observação foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

em que:

Y = vetor das observações da característica (PD);

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

β = vetor dos efeitos fixos;

Z_1 = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal;

a = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

Z_2 = matriz de incidência do efeito genético aditivo maternal de cada animal;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternais;

Z_3 = matriz de incidência do efeito do ambiente permanente maternal;

p = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

Os valores genéticos aditivos foram preditos considerando-se correlação genética aditiva direto-maternal igual a 0,25. Três razões entre variância genética direta e maternal (1:1, 1:2 e 2:1) e duas classes que consideraram a covariância

genética entre os efeitos direto e maternal conforme a simulação dos dados e outro como igual a zero, totalizando 6 cenários.

As razões de variâncias são aplicadas da seguinte forma: variância genética aditiva direta de 75 e variância genética aditiva maternal de 75 o que resulta em uma razão de variância de 1:1, variância genética aditiva direta de 50 e variância genética aditiva maternal de 100 o que resulta em uma razão de variância de 1:2 e variância genética aditiva direta de 100 e variância genética aditiva maternal de 50 o que resulta em uma razão de variância de 2:1.

Os indivíduos foram ordenados pelo seu valor genético predito direto para peso à desmama considerando-se $r_{am} = 0,25$ e foi feita seleção por truncamento dos 3.000 animais superiores, correspondendo a aproximadamente 1% do total de animais. Para cada um desses indivíduos foram assinalados dois valores de ordenação (posto) em função do seu valor genético predito incluindo a covariância (PVGa) e do seu valor genético predito com covariância considerada como zero (PVGa0).

Para a avaliação do efeito da inclusão ou não da covariância genética aditiva direto-maternal no modelo, calculou-se a diferença entre os valores genéticos preditos (PVGa e PVGa0), e a análise da correlação de Spearman entre postos dos indivíduos.

Os valores médios das acurácias dos valores genéticos preditos (PVGa e PVGa0) foram comparados pelo teste t de Student, para verificar o efeito da inclusão da covariância sobre esta correlação.

3 RESULTADO E DISCUSSÃO

Os arquivos foram agrupados contendo 3000 animais ordenados por postos definido pelo seu valor genético predito incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal (PVGA) e pelo seu valor genético predito quando a covariância genética aditiva direta maternal foi considerada igual a zero (PVGAC0) para a correlação estudada $r_{am} = 0,25$ e razões entre variância genética direta e maternal (1:1, 1:2 e 2:1). Em todos os cenários foram observados maior número de animais do que era esperado, selecionando animais no modelo que considerou a covariância como igual a zero (PVGAC0) e não seriam selecionados no modelo que inclui a covariância diferente de zero (PVGA). Estes resultados são apresentados na Tabela 1.

Na Tabela 1 são apresentados os resultados da correlação de Spearman entre os postos dos animais classificados de acordo com PVGA e PVGAC0 nos três cenários de razão de variância 1:1, 1:2 e 2:1. Foram encontradas correlações de 0,92, 0,91, 0,96, respectivamente. Estes valores são altos e significativos, sugerindo concordância entre as ordens de mérito dos animais. Estes resultados estão de acordo com o trabalho com dados simulados de Vasconcellos et al. (2013) e com dados de campo de Ribeiro et al. (2009).

Tabela 1. Número de animais selecionados e correlação de Spearman entre os postos dos animais selecionados pelo valor genético predito, considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0).

	Razão de variância genética aditiva direta-maternal	Número de indivíduos selecionados	Correlação de Spearman
$r_{am} = 0,25$	1:1	3246	0,92
	1:2	3280	0,91
	2:1	3163	0,96

As médias das diferenças entre os postos dos animais (PVGA - PVGAC0), nas três razões de variâncias 1:1, 1:2 e 2:1 são apresentadas na Figura 1. Observou-se que as variações entre os postos dos indivíduos com maiores valores genéticos preditos foram discretas, acentuando as variações à medida que os postos aumentavam. Observou-se também que após o posto de número 2000 encontram-se

postos de diferenças positivas que são sinalizam os animais que não seriam incluídos na seleção pelo seu valor genético predito se caso não incluísse a covariância genética aditiva direta maternal.

A distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (PVGA) e igual a zero (PVGAC0), em função dos postos dos animais é apresentada na Figura 2. Os gráficos que incluem a covariância genética aditivo direta maternal (gráfico 1, 3 e 5) mostram maior concordância entre predição e posto do que aqueles gráficos nos quais a covariância genética aditiva direta maternal é considerada como zero (gráfico 2, 4 e 6). Este resultado sugere que ao incluir a covariância no modelo ocorra uma uniformidade no sequenciamento dos animais pela ordem de mérito.

Na Tabela 2 são apresentadas as médias das acurácias comparadas pelo teste t de Student. Ao se compararem as acurácias médias estimadas para a predição dos valores genéticos obtidos no cenário de correlação positiva ($r_{am} = 0,25$) em todos os cenários de razão de variância observou-se que as diferenças entre as médias foram significativas ($p < 0,001$). Este resultado sugere que a inclusão da covariância no modelo de análise afeta a acurácia das predições, com valores maiores no grupo onde a covariância genética aditiva direta maternal foi incluída.

Tabela 2. Médias das acurácias da predição dos valores genéticos, obtidas incluindo-se a covariância genética aditiva direta maternal no modelo (PVGA), e obtidas considerando esta covariância igual a zero (PVGAC0), comparadas pelo teste t de Student.

	Razão de variância genética aditiva direta –maternal	Média das acurácias		
		PVGA	PVGAC0	
$r_{am} = 0,25$	1:1	0,6280	0,6120	***
	1:2	0,5866	0,5662	***
	2:1	0,6588	0,6541	***

*** diferenças significativas ($p < 0,001$)

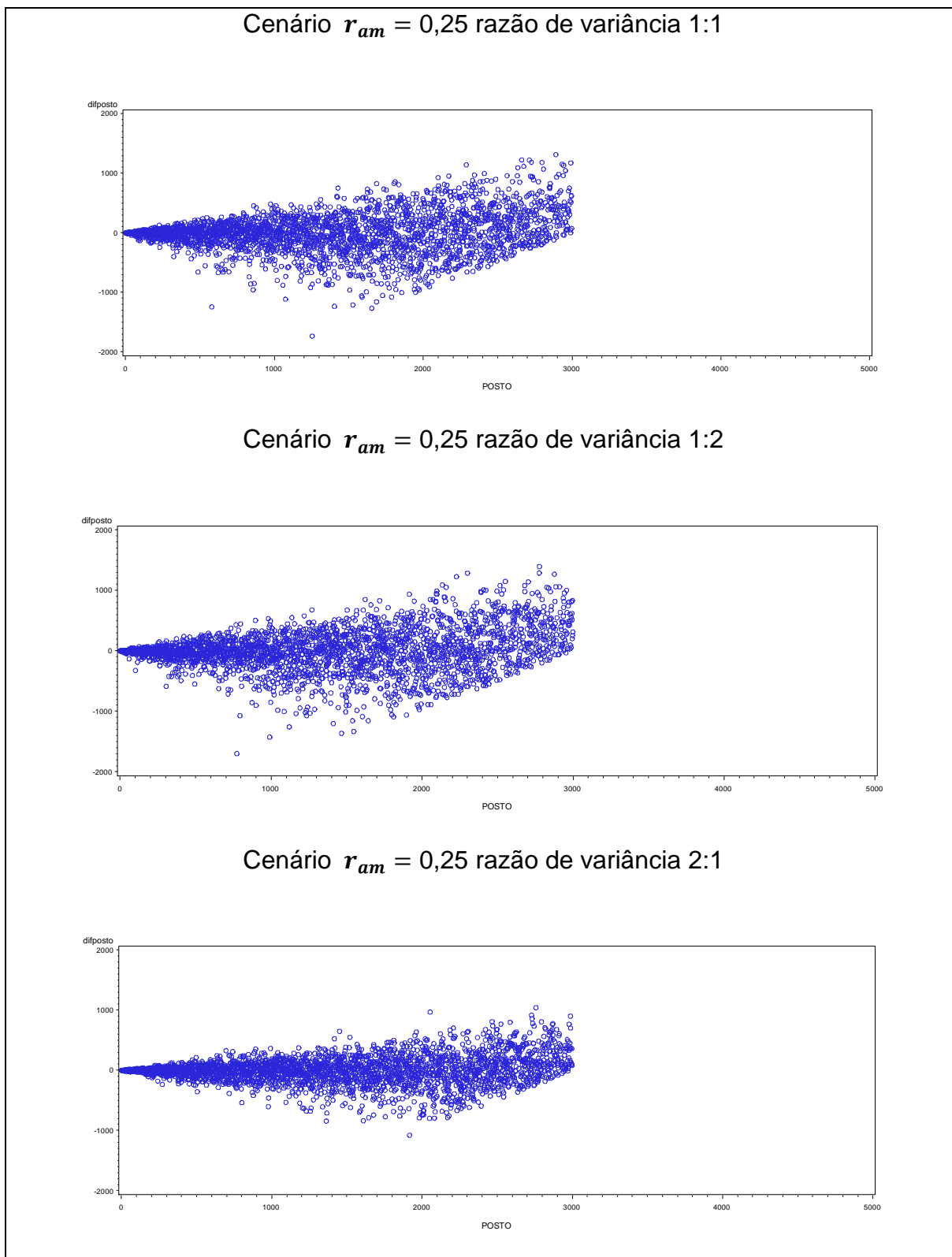


Figura 1. Distribuição das diferenças entre postos dos indivíduos, assinalados em função do PVGA e PVGAC0, em relação aos postos segundo PVGA.

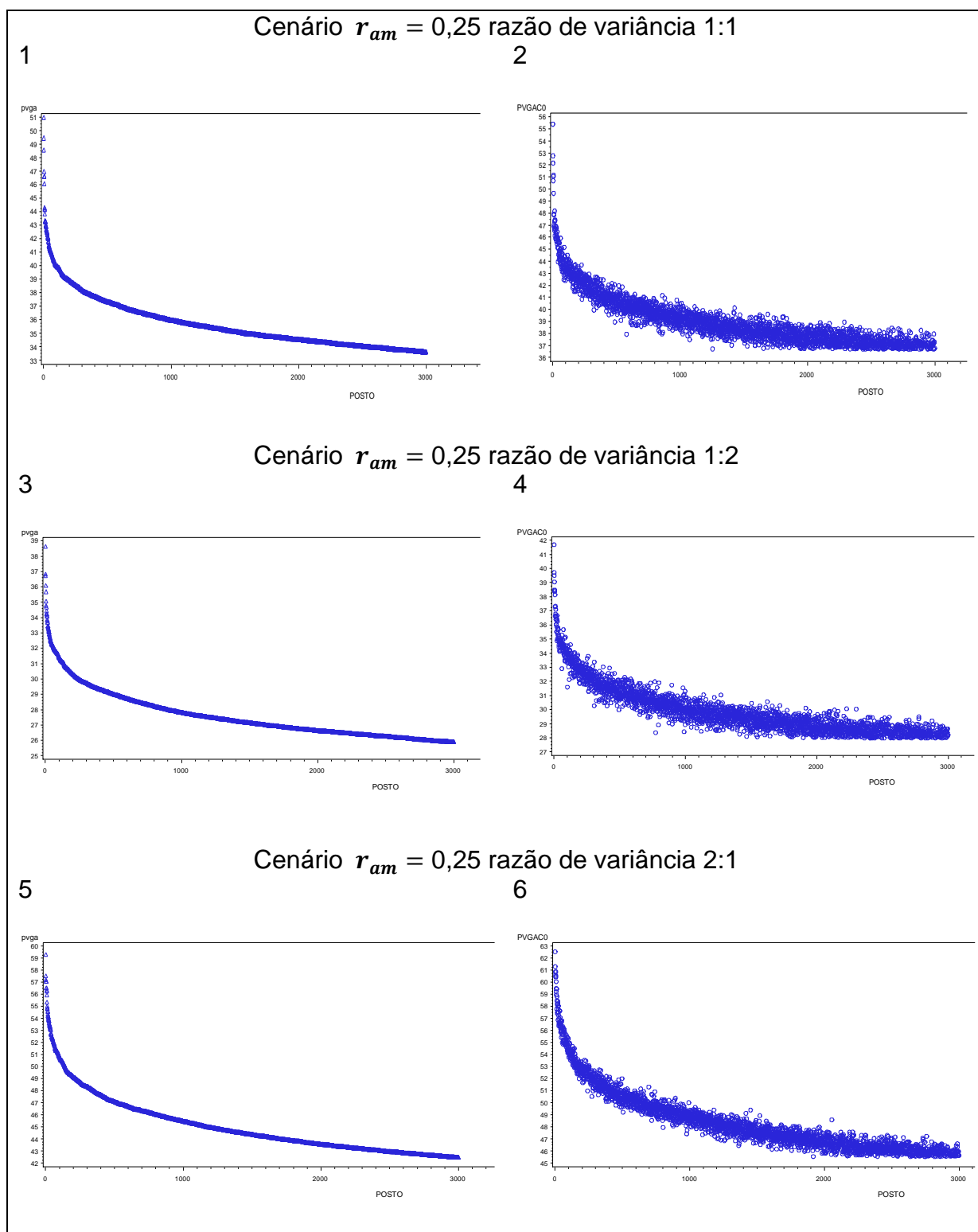


Figura 2. Distribuição dos valores genéticos preditos considerando a covariância diferente de zero (1, 3 e 5) e igual a zero (2, 4 e 6), em função dos postos dos animais determinados a partir do PVGA.

4 CONCLUSÃO

Pode-se concluir que em um cenário de correlação positiva no valor de +0,25, ao incluir a covariância genética aditiva direta maternal nas predições do valor genético direto do peso à desmama ocorre a alteração na ordem de mérito dos indivíduos e maior concordância entre predição e posto.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Assan N (2013). Magnitude of correlation between direct and maternal genetic effects for growth traits in ruminants. *Scientific Journal of Review*, v.2, n.4, p.106-112.

Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD et al (1995). A manual for use of MTDFREML a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. Lincoln: *Department of Agriculture/Agriculture Research Service*, 115p.

Boligon, AA, Albuquerque IG, Mercadante MEZ, Lôbo RB (2009). Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Rev. bras. zootec.*, v.38, n.12, p.2320-2326.

Cerri CC e Carvalho JLN (2012). Emissões de GEE na pecuária de corte e estratégias de mitigação. In: Anais do II ANISUS – Congresso brasileiro de produção animal sustentável, Chapecó, Santa Catarina.

Eler JP, Ferraz JBS, Golden BL, Pereira E (2000). Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. *Ver. Bras. Zootec.*, v.29, n.6, p.1642-1648.

Ferreira JL, Reyes A, Carvalheiro R, Lôbo RB (2011). Efeitos da inclusão ou não da covariância genética direta-maternal no modelo e dos valores reais das (co)variâncias sobre suas estimativas para peso à desmama em bovinos de corte. *Ci. Animal. Bras.*, v.12, n.3, p.435-442, jul./set.

Fridrich AB, Silva MA, Fridrich D, Corrêa GSS, Silva LOC, Sakaguti ES, Ferreira IC, Valente BD (2005). Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet Zootec.*, v.57, n.5, p.663-672.

Guterres LFW, Rorato PRN, Boligon AA, Weber T, Kippert CJ, Lopes JS, Souza PRS (2007). Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos

para ganho de peso na raça Brangus. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.37, n.3, p.809-814, mai-jun.

Júnior CTM, Alves AAC, Porcúnculo JÁ, Sousa DR, Lobo RNB, Shiotsuki L (2013). Efeito da inclusão da covariância direta-materna no modelo para estimar parâmetros genéticos para peso ao nascimento em ovinos da raça Morada Nova. In: Anais do VIII CNPA – Congresso Nordestino de Produção Animal, 2013. Fortaleza.

Lôbo RB, Bezerra LAF, Figueiredo LGG, Leite JF, Faria CU, Vozzi PA, Magnabosco CU, Bergmann JAG, Oliveira HN (2014). Sumário de touros das raças Nelore, Guzerá, Brahman e Tabapuã: Edição Agosto de 2014. Ribeirão Preto, ANCP.

Moreli G (2013). Sistema sustentado de produção animal integração lavoura, pecuária e floresta. In: Anais do XXIII Congresso Brasileiro de Zootecnia. Foz do Iguaçu, Paraná.

Ribeiro SHA, Pereira JCC, Verneque RS, Silva MA, Bergmann JAG (2009). Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.61, n.2, p.401-406.

Schaeffer LR (1993). Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livest. Prod. Sci.* V.35, p.1321-1340.

Vasconcellos BF, Reys A de los, Santana MG, Ferreira JL (2013). Efeito da inclusão ou não da covariância genética aditiva direta-maternal sobre as predições do valor genético aditivo direto do peso à desmama em dados simulados de gado de corte. In: Anais do XV Congresso Internacional de Producción Animal Tropical, La Habana, Cuba.

Waldron DF, Morris CA, Baker RL, Johnson DL (1993). Maternal effects for growth traits in beef cattle. *Livest. Prod. Sci.*, v.34, p.57-70.

Wasike CB, Indetie D, Ojango JMK, Kahi AK (2009). Direct and maternal (co)variance components and genetic parameters for growth and reproductive traits in the Boran cattle in Kenya. *Trop. Anim. Health Prod.* 41:741-748.

Willham RL (1980). Problems in estimating maternal effects. Liv. Prod. Sci., v.7, p.405-418.

CAPÍTULO 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com base nos estudos realizados sobre o efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta maternal nos modelos de predição do valor genético de animais avaliados em programas de melhoramento genético sugere-se incluir a covariância entre os valores genéticos aditivo direto maternal, no qual o mesmo mostrou interferir positivamente na ordem de mérito dos animais avaliados, com classificações mais uniformes, do que somente a considerar a covariância como igual a zero.